JURNAL ILMIAH INOVASI

Vol. 26, No. 2, Juli 2026
E-ISSN : 2527-6220 | P-ISSN : 1411-5549
DOI : 10.25047/jii.v26i02.7192

Profil Asam Amino Sapi Donggala Berdasarkan 13 Gen Pengkode Protein di DNA Mitokondria

Amino Acid Profile of Donggala Cattle Based on 13 Protein-Coding Genes in Mitochondrial DNA

Rini Hastarina[1,2], Agung Purnomoadi[1], Sutopo Sutopo[1], Dela Ayu Lestari[1*], Asep Setiaji[1]

[1]Department of Animal Science, Faculty of Animal and Agricultural Sciences, Universitas Diponegoro, Tembalang Campus, Semarang, 50275 Central Java, Indonesia
[2]Department of Animal Science, Faculty of Animal and Agricultural Sciences, Universitas Tadulako, Palu, Indonesia
**delaayulestari@ymailcom*

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi profil asam amino dari 13 gen pengode protein pada DNA mitokondria sapi Donggala. DNA genom diekstraksi dari jaringan hati untuk memperoleh sekuens lengkap DNA mitokondria (mtDNA) menggunakan teknologi *Next-Generation Sequencing* (NGS). Sekuens mtDNA yang diperoleh kemudian disejajarkan (*aligned*) untuk mengidentifikasi asam amino pada 13 gen pengode protein mitokondria, yaitu COX1, COX2, COX3, ATP6, ATP8, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, dan CYTB. Hasil penelitian menunjukkan bahwa profil asam amino 13 gen pengode protein mtDNA sapi Donggala menunjukkan dominasi leusin (Leu) dan proporsi terendah pada sistein (Cys). Hasil ini memberikan informasi dasar mengenai karakteristik genetik mitokondria sapi Donggala yang berpotensi mendukung penelitian konservasi dan pemuliaan ternak lokal.

Kata kunci — sapi Donggala, mtDNA, asam amino, *Next-Generation Sequencing* (NGS)

ABSTRACT

This study aimed to characterize the amino acid profile of the 13 protein-coding genes in the mitochondrial DNA (mtDNA) of Donggala cattle. Genomic DNA was extracted from liver tissue to obtain the complete mitochondrial genome sequence using Next-Generation Sequencing (NGS) technology. The resulting mtDNA sequences were aligned to identify amino acids encoded by the 13 mitochondrial protein-coding genes, namely COX1, COX2, COX3, ATP6, ATP8, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, and CYTB. The results showed that the amino acid profile of the 13 mtDNA protein-coding genes in Donggala cattle was dominated by leucine (Leu), while cysteine (Cys) exhibited the lowest proportion. These findings provide fundamental information on the mitochondrial genetic characteristics of Donggala cattle and may support future studies on the conservation and breeding of local cattle genetic resources.

Keywords — *Donggala cattle, mtDNA, amino acids, Next-Generation Sequencing (NGS)*

OPEN ACCESS

© 2026. Rini Hastarina, Agung Purnomoadi, Sutopo Sutopo, Dela Ayu Lestari, Asep Setiaji

Creative Commons
Attribution 4.0 International License

1. Pendahuluan

Sapi Donggala merupakan salah satu sapi potong lokal asal Sulawesi Tengah yang telah ditetapkan sebagai plasma nutfah daerah dan memiliki nilai strategis sebagai sumber daya genetik ternak Indonesia. Sapi ini merupakan hasil persilangan antara sapi Peranakan Ongole (PO) dan sapi Bali yang telah mengalami proses adaptasi dalam jangka waktu yang panjang terhadap kondisi agroekosistem tropis, ketersediaan pakan lokal, serta sistem pemeliharaan tradisional yang diterapkan oleh peternak secara turun-temurun. Adaptasi tersebut menjadikan sapi Donggala memiliki karakteristik genetik yang unik dan berpotensi dimanfaatkan dalam program pengembangan, konservasi, dan pemuliaan ternak di Indonesia.

Meskipun demikian, informasi mengenai karakteristik genetik sapi Donggala pada tingkat molekuler masih relatif terbatas. Sebagian besar penelitian yang telah dilakukan berfokus pada karakterisasi fenotipik, performa produksi, dan analisis keragaman genetik menggunakan penanda molekuler tertentu, sedangkan kajian yang memanfaatkan genom mitokondria secara utuh masih sangat sedikit. Keterbatasan informasi tersebut menyebabkan pemahaman mengenai variasi genetik yang berhubungan dengan fungsi metabolisme seluler dan adaptasi fisiologis sapi Donggala belum dapat dijelaskan secara komprehensif. Menurut [1], kesenjangan pengetahuan mengenai variasi pada DNA mitokondria membatasi pemahaman tentang pengaruh adaptasi lokal dan sejarah pemuliaan terhadap fungsi mitokondria, termasuk perubahan pada tingkat asam amino yang berpotensi memengaruhi aktivitas protein.

DNA mitokondria (*mitochondrial DNA*; mtDNA) merupakan genom ekstrakromosomal berbentuk sirkular yang diwariskan secara maternal dan terpisah dari genom inti. Pada mamalia, mtDNA memiliki ukuran sekitar 16,6 kb dan mengandung 37 gen yang terdiri atas 13 gen penyandi protein, 22 gen transfer RNA (tRNA), dan 2 gen ribosomal RNA (rRNA) [2]. Ketiga belas gen penyandi protein tersebut meliputi ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, COX1, COX2, COX3, ATP6, ATP8, dan CYTB, yang berperan penting dalam sistem fosforilasi oksidatif sebagai mekanisme utama produksi energi dalam bentuk *adenosin trifosfat* (ATP). Oleh karena itu, integritas dan variasi gen-gen tersebut memiliki pengaruh langsung terhadap fungsi respirasi seluler, efisiensi metabolisme energi, dan kemampuan adaptasi organisme terhadap lingkungannya.

Fungsi mitokondria yang vital menjadikan mtDNA sebagai salah satu target utama dalam studi genetika molekuler. DNA mitokondria mamalia diketahui esensial dalam pembentukan kompleks rantai transpor elektron dan ATP sintase yang berperan dalam proses fosforilasi oksidatif [3]. Selain itu, mtDNA memiliki karakteristik khas berupa laju mutasi yang relatif lebih tinggi dibandingkan genom inti, tidak mengalami rekombinasi, serta diwariskan secara maternal sehingga banyak digunakan dalam studi evolusi, genetika populasi, filogenetik, dan adaptasi metabolik [4 , 5]. Variasi nukleotida pada gen penyandi protein mtDNA dapat menyebabkan perubahan kodon yang selanjutnya menghasilkan substitusi asam amino. Perubahan asam amino tersebut berpotensi memengaruhi struktur, stabilitas, dan fungsi protein yang terlibat dalam metabolisme energi seluler.

Analisis profil asam amino yang diturunkan dari sekuens gen penyandi protein mtDNA memberikan informasi yang lebih mendalam dibandingkan analisis pada tingkat nukleotida saja. Profil asam amino dapat menggambarkan konsekuensi biologis dari variasi genetik yang terjadi serta memberikan indikasi mengenai kemungkinan adaptasi fungsional yang berkembang pada suatu populasi ternak. Oleh karena itu, karakterisasi profil asam amino dari seluruh gen penyandi protein mtDNA penting dilakukan untuk memahami variasi genetik fungsional yang terdapat pada sapi Donggala.

Menurut [6], eksplorasi genom mitokondria secara menyeluruh diperlukan untuk mengidentifikasi potensi genetik, mengevaluasi keragaman genetik, serta mendukung program konservasi dan pemuliaan ternak berbasis sumber daya genetik lokal. Namun hingga saat ini, informasi mengenai profil asam amino yang dihasilkan oleh 13 gen penyandi protein mtDNA pada sapi Donggala masih sangat terbatas. Padahal, informasi tersebut berpotensi menjadi dasar dalam memahami karakteristik genetik, kemampuan adaptasi, serta hubungan

kekerabatan sapi Donggala dengan bangsa sapi lainnya.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi profil asam amino dari 13 gen penyandi protein DNA mitokondria pada sapi Donggala berdasarkan sekuens genom mitokondria lengkap. Hasil penelitian diharapkan dapat memberikan informasi dasar mengenai variasi genetik fungsional pada tingkat protein serta memperkaya data ilmiah yang mendukung upaya konservasi, pemanfaatan, dan pengembangan program pemuliaan sapi Donggala di masa mendatang.

2. Metodologi

3.1. Persetujuan Etik

Prosedur penelitian ini telah disetujui oleh Komite Etik Penelitian Hewan Fakultas Peternakan dan Ilmu Pertanian, Universitas Diponegoro (Approval No. 59-01/A-01/KEP-FPP).

3.2. Pengambilan Jaringan dan Ekstraksi DNA

Penelitian ini menggunakan DNA genomik (gDNA) yang diekstraksi dari jaringan hati sapi Donggala. Jaringan hati dipilih karena merupakan organ dengan aktivitas metabolisme yang tinggi sehingga memiliki kebutuhan energi yang besar dan umumnya mengandung kelimpahan DNA mitokondria (mtDNA) yang lebih tinggi dibandingkan beberapa jaringan lainnya. Sebanyak 10 g jaringan hati dikoleksi dan diawetkan dalam tabung *Falcon* yang berisi etanol hingga proses ekstraksi DNA dilakukan. gDNA kemudian diekstraksi dari sampel jaringan menggunakan *Quick-DNA MagBead Plus Kit* (*Zymo Research, USA*) sesuai dengan protokol yang direkomendasikan oleh produsen. Kualitas dan kuantitas gDNA dievaluasi sebelum dilakukan tahap selanjutnya. mtDNA kemudian diperkaya menggunakan *REPLI-g Mitochondrial* DNA Kit (*Qiagen, Germany*) untuk meningkatkan proporsi mtDNA dalam sampel. Selanjutnya, mtDNA yang telah diperkaya digunakan untuk persiapan pustaka (*library preparation*) mengikuti protokol mtDNA yang telah dioptimalkan untuk proses sekuensing.

3.3. Analisis Sekuensing MtDNA

mtDNA disekuensing menggunakan teknologi *long-read sequencing* pada *platform Oxford Nanopore Technologies GridION* [7, 8]. Proses akuisisi data *sekuensing* dan pemantauan kinerja *flow cell* dilakukan menggunakan perangkat lunak *MinKNOW* (v21.11.17), sedangkan proses *basecalling* dengan mode akurasi tinggi (*high-accuracy mode*) dilakukan menggunakan *Guppy* (v5.1.13) [9].

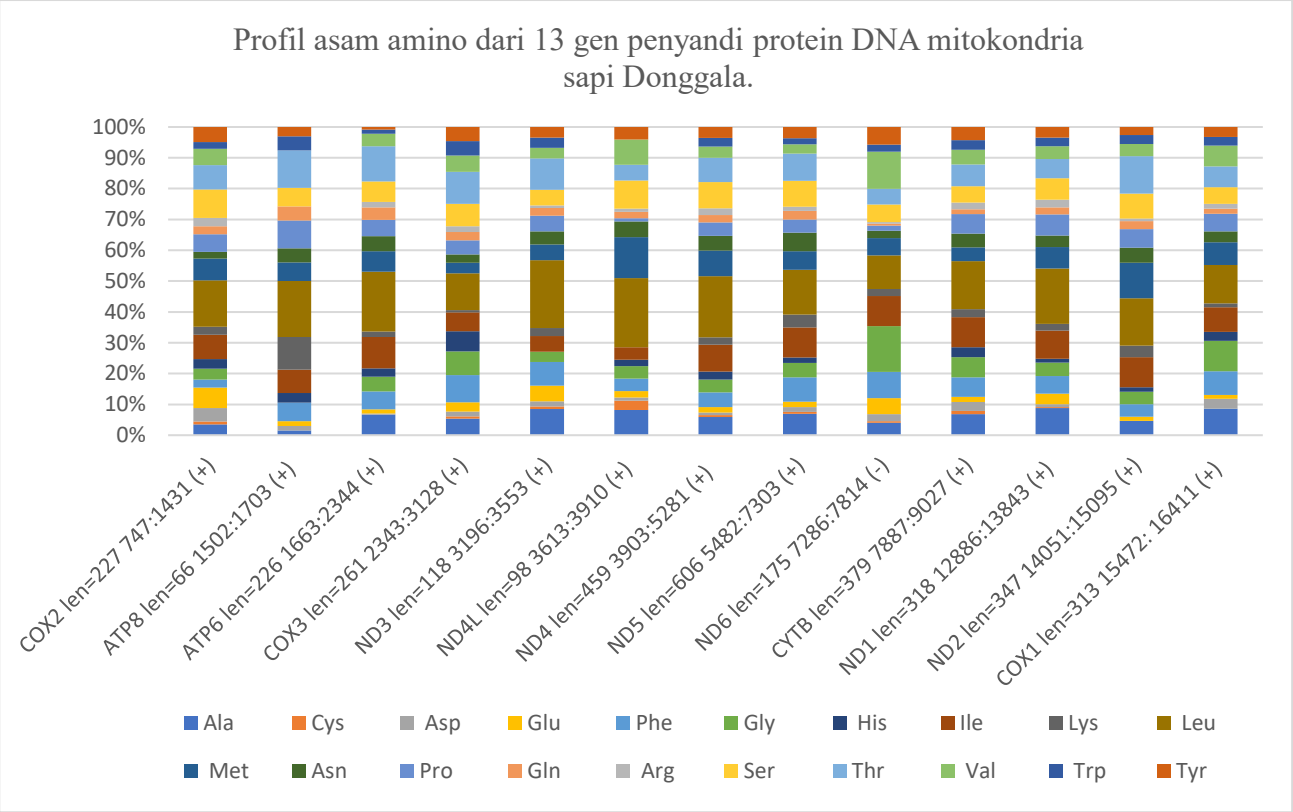
Kualitas data hasil sekuensing dievaluasi dan divisualisasikan menggunakan *NanoPlot* (v1.4.0) [10]. Seluruh hasil pembacaan (*reads*) kemudian dipetakan terhadap genom referensi mitokondria yang diperoleh dari *GenBank* menggunakan *Minimap*2 (v2.24) [11]. Pembacaan yang telah difilter selanjutnya dirakit (*de novo assembly*) menggunakan *Flye* (v2.8.3). Hasil perakitan kemudian dipoles (*polishing*) sebanyak empat siklus menggunakan *Racon* (v1.5.0) dan tiga siklus menggunakan *Medaka* (v1.5.0) untuk meningkatkan akurasi sekuens konsensus [12]. Sekuens mtDNA yang diperoleh selanjutnya dianotasi dan divisualisasikan menggunakan *MitoZ* (v2.4) [13], sedangkan kualitas hasil perakitan dievaluasi menggunakan *QUAST* (v5.0.2) [14].

3.4. Analisis Data

Sapi Donggala telah dilakukan analisis data menggunakan perangkat lunak MEGA12 [15]. Urutan lengkap DNA mitokondria (mtDNA) sapi Donggala disejajarkan dengan sekuen dari *Bos indicus* yang didapat dari *Genbank* sebagai pembanding. Untuk mengidentifikasi variasi nukleotida dan asam amino, dengan komposisi profil asam amino pada 13 protein yang dikodekan oleh mtDNA yang terdiri dari COX2, ATP 8, ATP 6, COX3, ND3, ND4L, ND4, ND5, ND6, CYT B, ND1, ND2 dan COX1.

3. Pembahasan

Distribusi komposisi asam amino yang dikodekan oleh 13 gen penyandi protein pada mtDNA sapi Donggala disajikan pada Gambar 1. Ketiga belas gen tersebut meliputi COX1, COX2, COX3, ATP6, ATP8, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5, ND6, dan CYTB. Analisis dilakukan berdasarkan hasil translasi sekuens nukleotida menjadi sekuens asam amino



menggunakan kode genetik mitokondria vertebrata. Hasil analisis menunjukkan adanya variasi frekuensi dan proporsi asam amino pada protein-protein yang dikodekan oleh genom mitokondria sapi Donggala.

Secara umum, komposisi asam amino pada protein mitokondria sapi Donggala menunjukkan pola yang serupa dengan mtDNA mamalia lainnya. Asam amino leusin (Leu) merupakan asam amino yang paling dominan dengan proporsi sekitar 16% dari total asam amino. Dominasi Leu merupakan karakteristik umum mtDNA hewan karena asam amino ini dikodekan oleh sejumlah kodon yang relatif lebih banyak dibandingkan sebagian besar asam amino lainnya [16]. Tingginya proporsi Leu mengindikasikan pentingnya residu hidrofobik dalam pembentukan dan stabilisasi protein-protein membran yang berperan dalam sistem fosforilasi oksidatif.

Selain Leu, isoleusin (Ile) juga menunjukkan frekuensi yang relatif tinggi (8,71%). Isoleusin merupakan asam amino esensial yang berperan dalam metabolisme energi melalui jalur katabolisme asam amino rantai bercabang (*branched-chain amino acids*). Tingginya proporsi Ile menunjukkan bahwa protein mitokondria pada sapi Donggala memerlukan residu dengan karakter hidrofobik untuk mempertahankan struktur dan fungsi kompleks respirasi mitokondria [1].

Sebaliknya, sistein (Cys) memiliki proporsi paling rendah, yaitu kurang dari 1% dari total komposisi asam amino. Rendahnya frekuensi Cys merupakan karakteristik yang umum ditemukan pada genom mitokondria vertebrata [1]. Meskipun jumlahnya terbatas, residu Cys tetap memiliki peran penting dalam menjaga stabilitas struktur protein melalui pembentukan ikatan disulfida dan interaksi molekuler lainnya [16]. Selain Cys, asam amino aspartat (Asp) dan arginin (Arg) juga ditemukan dalam proporsi yang relatif rendah, masing-masing kurang dari 2%. Rendahnya frekuensi kedua asam amino tersebut kemungkinan berkaitan dengan perannya yang lebih spesifik dalam proses metabolisme dan fungsi enzimatik dibandingkan sebagai komponen utama penyusun struktur protein [1, 17].

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa distribusi asam amino pada protein mitokondria sapi Donggala didominasi oleh asam amino nonpolar, khususnya Leu, Ile, Val, dan Ala. Dominasi residu hidrofobik tersebut sesuai dengan fungsi sebagian besar protein mitokondria yang berasosiasi dengan membran

dalam mitokondria dan terlibat dalam rantai transpor elektron. Komposisi ini mendukung stabilitas struktur protein membran serta efisiensi proses transfer elektron yang berperan dalam produksi energi seluler.

Variasi komposisi asam amino antar gen penyandi protein juga menunjukkan adanya perbedaan karakteristik fungsional masing-masing protein mitokondria. Gen-gen yang menyandi subunit kompleks respirasi yang berbeda dapat memiliki kebutuhan komposisi asam amino yang berbeda sesuai dengan struktur dan fungsi biologisnya. Perbedaan tersebut mencerminkan adanya tekanan seleksi yang berbeda pada masing-masing gen selama proses evolusi dan adaptasi [2].

Genom mitokondria sapi Donggala yang telah berhasil dianotasi memberikan informasi genetik yang penting untuk mendukung penelitian lebih lanjut mengenai keragaman genetik, evolusi, domestikasi, dan konservasi sumber daya genetik ternak [18, 19]. Menurut [20] dan [21], ketersediaan data genom mitokondria lengkap dapat menjadi sumber informasi yang berharga untuk mendukung program pemuliaan berbasis molekuler serta strategi konservasi plasma nutfah ternak lokal.

Secara keseluruhan, karakterisasi profil asam amino dari 13 gen penyandi protein mtDNA pada sapi Donggala memberikan gambaran mengenai komposisi protein mitokondria yang berperan dalam metabolisme energi seluler. Informasi ini memperkaya basis data genetik sapi Donggala dan dapat dimanfaatkan sebagai dasar untuk penelitian lanjutan terkait adaptasi fisiologis, evolusi, serta pengembangan program konservasi dan pemuliaan ternak berbasis sumber daya genetik lokal.

4. Kesimpulan

Karakterisasi profil asam amino dari 13 gen penyandi protein DNA mitokondria sapi Donggala menunjukkan bahwa leusin (Leu), isoleusin (Ile), dan treonin (Thr) merupakan asam amino yang dominan. Komposisi ini mencerminkan peran penting protein mitokondria dalam fosforilasi oksidatif dan metabolisme energi. Tingginya tingkat konservasi gen penyandi protein mtDNA menunjukkan pentingnya fungsi biologis mitokondria serta menyediakan informasi genetik yang bermanfaat untuk mendukung penelitian adaptasi, evolusi, konservasi, dan pemuliaan sapi Donggala.

5. Daftar Pustaka

[1] Lestari, D. A., Edy, K., Sutopo, S., Pupus, G. P., dan Asep, S. (2025). “Comparative analysis of amino acid profiles from the 13 mtDNA protein-coding genes in New Zealand White and Indonesia local rabbits”. *Journal of Advanced Veterinary Research* (2025) Volume 15, Issue 6, 901-904.

[2] Akbari, M., Nilsen, H. L., & Montaldo, N. P. (2022). “Dynamic features of human mitochondrial DNA maintenance and transcription”. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 10(22), 984245. https://doi.org/10.3389/fcell.2022.984245

[3] Gustafsson, C. M., Falkenberg, M., & Larsson, N.-G. (2016). “Maintenance and Expression of Mammalian Mitochondrial DNA”. *Annual Review of Biochemistry*, 85(1), 133–160. https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-060815-014402

[4] Ferreira, T., & Rodriguez, S. (2024). “Mitochondrial DNA: Inherent Complexities Relevant to Genetic Analyses”. *Genes,* 15(5), 617. https://doi.org/10.3390/genes15050617

[5] Raff, J. (2018). <scp> DNA </scp>: “Mitochondrial. The Encyclopedia of Archaeological Sciences”, 1–3. https://doi.org/10.1002/9781119188230.saseas0196

[6] Hilmia, N., D. Rahmat, M. Ihsan, A. Dagong, S. R. A. Bugiwati, S. Sutopo, D. A. Lestari, A. Setiaji, P. R. Matitaputty, S. Sutikno, dan H. Mannen. 2023. “Study of Kosta goat (Capra hircus) mitochondrial DNA and their phylogenetic based on whole genome sequencing”. *Small Ruminant Research* 221 (2023) 106937. (www.elsevier.com/locate/smallrumres).

[7] Zascavage, R. R., Thorson, K., Planz, J.V. 2019a. “Nanopore sequencing: An enrichment-free alternative to mitochondrial DNA sequencing”. *Electrophoresis* 40, 272–280.

[8] Zascavage, R.R., Hall, C.L., Thorson, K., Mahmoud, M., Sedlazeck, F.J., Planz, J.V., 2019b. “Approaches to whole mitochondrial genome sequencing on the Oxford Nanopore MinION. Curr. Protoc. Hum”. *Genet*. 104, e94.

[9] Wick, R.R., Judd, L.M., Holt, K.E., 2019. "Performance of neural network base calling tools for Oxford Nanopore sequencing". *Genome Biol*. 20, 129.
[10] De Coster, W., D'Hert, S., Schultz, D.T.,Cruts, M., Van Broeckhoven, C., 2018. "NanoPack: Visualizing and processing long-read sequencing data". *Bioinformatics* 34, 2666–2669.
[11] Liu H, Zhai J, Wu H, Wang J, Zhang S, Li J, Niu Z, Shen C, Zhang K, Liu Z, Jiang F, Song E, Sun X, Wang, Y, Lan X. 2022. "Diversity of mitochondrial DNA haplogroups and their association with Bovine Antral Follicle Count". *Animals*, 12(18):2350.
[12] Vaser, R., Sović, I., Nagarajan, N., Šikić, M., 2017. "Fast and accurate de novo genome assembly from long uncorrected reads". *Genome Res*. 27, 737–746.
[13] Meng, G., Li, Y., Yang, C., Liu, S., 2019. "MitoZ: A toolkit for animal mitochondrial genome assembly, annotation and visualization". *Nucleic Acids Res*. 47, e63.
[14]Gurevich, A., Saveliev, V., Vyahhi, N., Tesler, G., 2013. "QUAST: Quality assessment tool for genome assemblies". *Bioinformatics* 29, 1072–1075.
[15]Kumar, R., & Kumar, V. 2018. "A review of phylogeography: biotic and abiotic factors". *Geology, Ecology, and Landscapes*, 2 (4), 268–274.
[16] Habich, M., Salscheider, S. L., Riemer, J. 2019. "Cysteine residues in mitochondrial intermembrane space proteins: More than just import". *Br. J. Pharmacol*. 176, 514–531.
[17]Reitzer, L., 2004. "Biosynthesis of glutamate aspartate, asparagine, L-alanine, and D-alanine". *EcoSal Plus 1*
[18]Jakaria, J., Dharmayanthi, A. B., Dairoh, D., Ulum, M. F., Anwar, S., & Noor, R. R. (2025). "Short communication: Complete mitochondrial genome sequence of Bali cattle (Bos javanicus)". *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 26(4). https://doi.org/10.13057/biodiv/d260406
[19] Pramod, R. K., Velayutham, D., P K, S., P S, B., Zachariah, A., Zachariah, A., B, C., S S, S., Santhosh, S., Iype, S., P, G., Dhinoth Kumar, B., Gupta, R., & Thomas, G. (2018). "The complete mitochondrial genome of Indian cattle (Bos indicus)". *Mitochondrial DNA Part B*, 3(1), 207–208. https://doi.org/10.1080/23802359.2018.1437836
[20]Arbizu, C. I., Ferro-Mauricio, R. D., Chávez-Galarza, J. C., Vásquez, H. V., Maicelo, J. L., Poemape, C., Gonzales, J., Quilcate, C., & Corredor, F.-A. (2022). 264. "The complete mitochondrial genome of a Peruvian creole cattle (Bos taurus) and its phylogenetic analysis". 1114–1117. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-940-4_264
[21]Liu, S.-J., Lv, J.-Z., Tan, Z.-Y., & Ge, X.-Y. (2020). 'The complete mitochondrial genome of Uruguayan native cattle (Bos taurus)". *Mitochondrial DNA*. Part B, Resources, 5(1), 443–444. https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1704639