



**PENENTUAN LAJU MUTASI DAN PUSAT SEBARAN
FRAGMEN *CYTOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (Co I)*
mtDNA AUROCH DARI GENBANK NCBI**

SKRIPSI

**untuk memenuhi persyaratan
dalam menyelesaikan program sarjana Strata-1 Kimia**

Oleh:

**Ainun Jariyah
1811012320019**

**PROGRAM STUDI S-1 KIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMBUNG MANGKURAT
BANJARBARU
FEBRUARI 2023**

SKRIPSI
PENENTUAN LAJU MUTASI DAN PUSAT SEBARAN FRAGMENTEN
CYTOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (Co I) mtDNA AUROCH DARI
GENBANK NCBI

Oleh:
AINUN JARIYAH
NIM 1811012320019

Disetujui untuk disidangkan

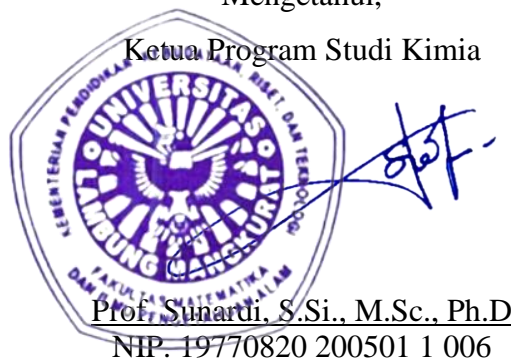
Pembimbing I



Dr. Tanto Budi Susilo, S. Si., M. Si
NIP. 19701205 199903 1 001

Mengetahui,

Ketua Program Studi Kimia



Prof. Sunardi, S.Si., M.Sc., Ph.D
NIP. 19770820 200501 1 006

PERNYATAAN

Dengan ini Saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu Perguruan Tinggi, dan sepanjang pengetahuan Saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis diacu dalam naskah ini dan disebutkan dalam Daftar Pustaka.

Banjarbaru, Februari 2023



Ainun Jariyah
NIM 1811012320019

ABSTRAK

PENENTUAN LAJU MUTASI DAN PUSAT SEBARAN FRAGMENTEN *CYTOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (Co I) mtDNA AUROCH* DARI GENBANK NCBI (Oleh Ainun Jariyah; Pembimbing: Tanto Budi Susilo; 2023; 52 halaman)

Auroch membutuhkan asupan energi yang cukup ketika bermigrasi, *Adenosin Trifosfat* (ATP) berperan dalam proses perubahan energi baik untuk menyimpan atau melepaskan energi dari tubuh. Tujuan penelitian adalah mengetahui jarak genetik fragmen *Co I* mtDNA dan pusat sebaran Auroch. Gen *Co I* mengkode protein pada subunit dari enzim yang berperan sebagai transpor elektron dalam proses transpor pada membran mitokondria, dan berperan penting dalam menghasilkan ATP. Sampel yang digunakan pada penelitian ini berjumlah 73 dari benua Eropa, Asia dan Afrika. Penelitian ini dilakukan menggunakan metode Nei dan ANN, dengan mengaplikasikan Microsoft Excel, MAFFT, UGENE dan MATLAB R2020b. Hasil perhitungan jarak genetik individu menunjukkan nilai tertinggi yaitu 20, seperti pada individu dengan kode akses MZ901672 terhadap MF667932, sedangkan nilai terendah menunjukkan 0, seperti pada perbandingan individu GQ129208 dengan MT576844. Hasil perhitungan jarak populasi menunjukkan nilai tertinggi adalah 5.8058 pada populasi Asia-Auroch, sedangkan nilai terendah adalah 0.1994 pada populasi Eropa-Afrika. Hasil ini menunjukkan bahwa pusat sebaran sapi berada di Asia. Selanjutnya, perhitungan laju mutasi menggunakan perbandingan umur fosil terhadap jarak genetika populasi asia adalah 1.160-258,36 tahun/mutasi. Perbandingan urutan asam amino (ADE05529) sebagai pembanding terhadap 3 jenis sekuen yang bermutasi menunjukkan perbedaan pada urutan 56, 407, dan 509. Perbedaan ini disebut sebagai *missense mutation*, yaitu perubahan susunan basa nitrogen yang menyebabkan asam amino pada rantai polipeptida berubah.

Keywords: *Auroch*, CO I, Fragmenten *Co I* mtDNA.

ABSTRACT

DETERMINATION OF MUTATION RATE AND DISTRIBUTION CENTERS OF FRAGMENT CYTOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (*Co I*) mtDNA AUROCHS FROM NCBI GENBANK (By Ainun Jariyah; Advisors: Tanto Budi Susilo; 2023; 52 pages)

Aurochs require adequate energy intake while migrating, while Adenosine Triphosphate (ATP) plays a role in the process of changing energy either to store or release energy from the body. The objective of the study was to determine the genetic distance of the CoI mtDNA fragment and the Auroch distribution center. The CoI gene encodes a protein in the subunit of the enzyme that acts as an electron transporter in the process of transport across the mitochondrial membrane and plays an important role in producing ATP. The samples used in this study amounted to 73 from the continents of Europe, Asia, and Africa. This study employed the Nei and ANN methods, by applying Microsoft Excel, MAFFT, UGENE, and MATLAB R2020b. The results of calculating individual distances show the highest value of 20, as in individuals with the access code MZ901672 to MF667932, while the lowest value is 0, as in the comparison of individuals GQ129208 with MT576844. The results of the population distance calculation show that the highest value is 5.8058 in the Asian-Auroch population, while the lowest value is 0.1994 in the European-African population. These results indicate that the center of cattle distribution is in Asia. Furthermore, the calculation of the mutation rate using a comparison of the age of the fossil to the genetic distance of the Asian population is 1,160-258,36 years/mutation. Comparison of amino acid sequences (ADE05529) as a comparison to the 3 types of mutated sequences showed differences at sequences 56, 407, and 509. These differences are known as missense mutations, namely changes in the arrangement of nitrogenous bases that cause changes in the amino acids in the polypeptide chain.

Key words: *Aurochs*, CO I, Fragment Co I mtDNA.

PRAKARTA

Puji dan syukur penulis panjatkan kehadiran Tuhan Yang Maha Esa, karena berkat rahmat dan karunia-Nya penelitian dan skripsi yang berjudul “**Penentuan Laju Mutasi dan Pusat Sebaran Fragmen *Cytochrome C Oxidase Subunit I (Co I) mtDNA Auroch* Dari *Genbank NCBI*” ini dapat diselesaikan dengan sebaik mungkin pada waktunya. Dalam kesempatan ini penulis menyampaikan terima kasih kepada:**

1. Bapak Dr. Tanto Budi Susilo, S.Si., M.Si selaku dosen pembimbing yang telah memberikan pengetahuan, bimbingan, nasihat, motivasi, kritik, saran dan waktu yang telah diluangkan selama penelitian hingga skripsi ini selesai dibuat.
2. Bapak Azidi Irwan, S.Si., M.Si. dan Bapak Rahmat Eko Sanjaya, M.Si selaku dosen penguji yang telah menyediakan waktu dan memberikan kritik serta saran yang membangun untuk penyusunan skripsi ini menjadi lebih baik.
3. Bapak Oni Soesanto, S.Si., M.Si, dosen statistika FMIPA ULM, sebagai kontributor ANN.
4. Dosen dan staf pengajar di lingkungan Universitas Lambung Mangkurat terutama dosen Program Studi Kimia yang telah memberikan pengetahuan selama penulis belajar di bangku perkuliahan.
5. Bapak, Ibu, adik dan keluarga yang selalu ada dan memberikan motivasi serta doa terbaik untuk Saya. Terima kasih atas semangat dan dukungannya selama ini hingga Saya bisa sampai tahap ini.
6. Aida Fitriah, Eifni Elyasha Marti, Fira Hidayati, Nia Septia Sari, Nurul Hikmah, Norlena, dan Sri Wiliany sebagai teman berbagi suka maupun duka.
7. Teman-teman satu tim penelitian: Grace Indah D, Nadila Agustina, Shofi Ainur Mufidah, dan Tazkia Safarina yang telah berjuang bersama, banyak membantu, saling memotivasi, dan berbagi pengalaman selama penelitian.
8. Teman-teman mahasiswa angkatan 2018 (C.E.O.T.N.G) yang banyak membantu selama perkuliahan.

9. Teman-teman pengurus FSI Ulul Albab periode 2019-2020, dan pengurus HIMAMIA “Redoks” periode 2021-2022 yang telah memberikan penulis kesempatan dalam berkegiatan serta memberikan manfaat dalam berorganisasi.
10. Teman-teman IBFL dan Adaro yang memberikan banyak sekali nasihat serta motivasi agar saya dapat terus berjuang hingga saat ini.

Penulis menyadari bahwa terdapat berbagai kekurangan dalam penulisan maupun penyusunan skripsi ini. Oleh karenanya, penulis sangat mengharapkan saran dan masukan yang membangun untuk kesempurnaan penulis kedepannya agar dapat memberikan manfaat serta informasi bagi seluruh pihak. Semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi kita terkhusus dalam hal pengembangan ilmu pengetahuan.

Banjarbaru, Februari 2023



Ainun Jariyah

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL.....	i
LEMBAR PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN.....	iii
ABSTRAK	iv
PRAKARTA	vi
DAFTAR ISI.....	viii
DAFTAR TABEL.....	x
DAFTAR GAMBAR	xi
DAFTAR LAMPIRAN.....	xiii

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	4

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 DNA Mitokondria	5
2.1.1 Gen <i>Cytochrome Oxydase I</i> (Co I).....	6
2.2 Sejarah Domestikasi dan Persebaran Sapi	8
2.3 Klasifikasi Sapi	13
2.4 DNA (Deoxyribose Nucleic Acid).....	15
2.4.1 DNA Purba	16
2.5 Asam Amino	17
2.6 Bioinformatika	18
2.7 NCBI	18
2.8 Jarak Genetik dan Pusat Sebaran	19
2.9 Artificial Neural Network (ANN).....	20
2.10 MAFFT	20

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Waktu dan Tempat Kegiatan.....	22
3.2 Alat.....	22
3.3 Bahan	22
3.4 Prosedur Kerja.....	22
3.4.1 Download 73 Sekuen Co I mtDNA dari GenBank NCBI dan Simpan Data di Notepad.	22
3.4.2 Analisis Individu Sekuen dengan Spreadsheet dan MAFFT.....	25
3.4.3 Analisis Populasi Sekuen dengan Spreadsheet dan ANN.....	28
3.4.4 Analisis Peptida CO I.....	29

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Hasil Download Genom Fragmen Co I mtDNA Sapi dan Residu Asam Amino CO I pada NCBI	32
4.2 Hasil Analisis Individu Sekuen dengan Spreadsheet dan MAFFT.....	37
4.2.1 Hasil Ringkasan Analisis Jarak Genetika dan Sebaran Individu Sekuen Gen Co I mtDNA Sapi dengan Spreadsheet	37
4.2.2 Hasil Pohon Filogenetik dengan MAFFT Online	39
4.3 Hasil Analisis Populasi Sekuen dengan Spreadsheet dan ANN	42
4.3.1 Hasil Analisis Jarak Genetika dan Sebaran Populasi Sekuen Gen Co I mtDNA Sapi dengan Spreadsheet.....	42
4.3.2 Hasil Analisis Jarak Genetika dan Sebaran Populasi Sekuen Gen CoI mtDNA Sapi dengan ANN	43
4.3.3 Laju mutasi berdasarkan Jarak Genetika Populasi CoI mtDNA Sapi	43
4.4 Analisis Struktur Protein pada CO I.....	45
4.5 Laju Mutasi Berdasarkan jarak genetika Populasi mtDNA	42
4.5.1 Laju Mutasi mtDNA	42
4.5.2 Laju Mutasi Berdasarkan Jarak Genetika Co I mtDNA Sapi	50

BAB V PENUTUP

5.1. Kesimpulan	52
5.2. Saran.....	52

DAFTAR TABEL

Tabel 1. Berikut ini adalah fitur fragmen mtDNA <i>Bos Indicus</i> yang didapatkan dari situs NCBI	7
Tabel 2. Sebaran sekuen <i>CoI</i> MtDNA sapi dari NCBI di Benua Eropa	12
Tabel 3. Data sebaran sekuen <i>CoI</i> MtDNA sapi dari NCBI di Benua Asia.....	12
Tabel 4. Data sebaran sekuen <i>CoI</i> MtDNA sapi dari NCBI di Benua Afrika	12
Tabel 5. Daftar 20 Asam Amino	17
Tabel 6. Hasil data <i>mining</i> genom Fragmen <i>Co I</i> mtDNA sapi dari benua Eropa.	33
Tabel 7. Hasil data <i>mining</i> genom Fragmen <i>Co I</i> mtDNA sapi dari benua Asia...	35
Tabel 8. Hasil data <i>mining</i> genom Fragmen <i>Co I</i> mtDNA sapi dari benua Afrika	36
Tabel 9. Nilai maksimum jarak genetika hasil perbandingan dengan teknik <i>pairwise sequence alignment</i> menggunakan <i>Microsoft Excel</i>	38
Tabel 10. Hasil Perhitungan Jarak Genetika Populatif terhadap Fragmen <i>Co I</i> mtDNA sapi	42
Tabel 11. Pembobotan kode DNA di <i>Microsoft Excel</i> pada analisis jarak genetika dan sebaran populasi sekuen <i>Co I</i> mtDNA Sapi menggunakan ANN	43
Tabel 12. Nilai diversitas genetika dari empat kelompok populasi sekuen genom <i>Co I</i> mtDNA sapi dengan ANN	44
Tabel 13. Ringkasan Hasil MSA terhadap 73 sampel pada pohon filogenetik berbasis asam amino dengan Aurochs (<i>Bos Primigenius</i>) sebagai pembanding.....	45
Tabel 14. Perbandingan Struktur Tiga Dimensi Asam Amino CO sub-unit 1 pada Aurochs (<i>Bos Primigenius</i>) dengan sapi modern	46
Tabel 15. Deskripsi perbandingan laju mutasi fragmen D-loop mtDNA	49
Tabel 16. Laju Mutasi <i>Co I</i> mtDNA Auroch	50

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. Genom Mitokondria Bos Indicus	5
Gambar 2. Rantai Transport Elektron	6
Gambar 3. Distribusi Bos primigenius dan sebaran domestifikasi sapi.....	8
Gambar 4. Kerangka Aurochs yang hampir lengkap dari Hammarlöv, disimpan di Museum Zoologi Lund (Swedia)	9
Gambar 5. a) tengkorak Bos primigenius primigenius di Mesium Inggris, dan b) tengkorak Bos Primigenius namadicus	10
Gambar 6. Perbedaan Auroch dengan sapi modern	10
Gambar 7. Penurunan dan peningkatan ukuran ternak domestik.....	11
Gambar 8. Jenis-Jenis sapi (Bos Taurus) di dunia (a) sapi Hereford dari Inggris, (b) sapi Charolais dari Perancis, (c) sapi Holstein dari Belanda, (d) sapi Wagyu dari Jepang.....	14
Gambar 9. Jenis-jenis sapi (Bos Indicus) di dunia (a) sapi Sahiwal dari Pakistan, (b) sapi Brahman dari India	15
Gambar 10. Struktur DNA Struktur double helix	15
Gambar 11. Pasangan basa pada DNA	16
Gambar 12. Halaman depan NCBI	23
Gambar 13. Hasil pencarian Bos Primigenius mitochondrian	23
Gambar 14. Informasi data genom DNA mitokondria <i>Bos Primigenius</i>	24
Gambar 15. Data sequens di notepad.....	24
Gambar 16. Tabel analisis <i>distance</i> individu MtDNA <i>Co I</i> sapi dengan <i>spreadsheet</i>	25
Gambar 17. Perhitungan perbandingan setiap individu	25
Gambar 18. Tabel Contoh Hasil Analisis <i>Distance</i> Individu mtDNA <i>CoI</i> sapi dengan <i>Spreadsheet</i>	26
Gambar 19. Tampilan MAFFT	26
Gambar 20. Tampilan MAFFT sebelum mengunggah data.....	27
Gambar 21. Tampilan MAFFT saat akan menampilkan pohon filogenetik	27
Gambar 22. Proses menampilkan pohon filogenetik dengan <i>Archaeopteryx.js</i>	27

Gambar 23. Tabel untuk analisis data per-spesies	28
Gambar 24. Tampilan aplikasi UGENE saat melakukan pensejajaran sekuen asam amino dan perbedaan asam amino yang didapat	30
Gambar 25. Halaman utama SWISS-MODEL	30
Gambar 26. Sekuen protein yang sudah ditempelkan	31
Gambar 27. Hasil penyimpanan 73 data gen <i>Co I</i> sapi (<i>Bos Primigenius</i> , <i>Bos Taurus</i> dan <i>Bos Indicus</i>) di <i>Notepad</i>	37
Gambar 28. Pohon filogenetika gen <i>Co I</i> MtDNA sapi berbasis individu dengan MAFFT	40
Gambar 29. Pohon filogenetika antar negara berbasis sekuen genom <i>Co I</i> mtDNA Aurochs dan sapi dengan Matlab.....	44
Gambar 30. Peta sebaran sapi berdasarkan <i>Co I</i> mtDNA	51

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Diagram Alir Strategi Penelitian	57
Lampiran 2. Tabel Hasil Perbandingan Menggunakan <i>Spreadsheet</i>	58
Lampiran 3. Gambar Lengkap Hasil Analisis Individu Menggunakan MAFFT ...	67
Lampiran 4. Perhitungan	69
Lampiran 5. Perbandingan Urutan Asam Amino Peptida CO I pada 73 Sekuen sapi menggunakan UGENE	71
Lampiran 6. Perbandingan Struktur Tiga Dimensi Asam Amino Sitokrom c Oksidase pada Aurochs (<i>Bos Primigenius</i>) dan sapi modern Menggunakan Swiss Model.....	73
Lampiran 7. Riwayat Hidup.....	76