

Variasi Struktur “*Ribonucleic Acid (RNA)*” 31 Gen Domba (*Ovis Aries*) yang Akan Ditranslasikan Menjadi Polipeptida

Sutikno¹

¹ Konsenterasi Studi Peternakan, Sekolah Tinggi Pertanian Kutai Timur
Jl. Soekarno-Hatta No.1 Sangatta, Kab. Kutai Timur
Email : sutiknoabdulkadir@gmx.com

ABSTRACT

The aims of this study were to determine variations structure of ribonucleic acid (RNA) from 31 genes of sheep (Ovis aries) which will be translated into polypeptides. This research used 31 sequences DNA complete from sheep (Ovis aries). Information of complete DNA sequences retrieved from the NCBI (National Center for Biotechnology Information) database. The observation was started from October until November 2013. Descriptive statistics was used to analyzed data and identified RNA structure genes from. Each of them are determined it's characteristics to found the variations of structure genes form. The results showed that the structure genes have three variations including in E_2C_{11} , EC_{11} and EC_{22} structure. The most founded is E_2C_{11} structure with frequencies 27 genes or 87 %, EC_{11} structure with frequencies 3 genes or 9.7 % and the last structure of EC_{22} with frequenci 1 gene or 3.3 %. The variations caused by the different formation part of genes (exon intron), spreading of initiation codon-stop codon and also the UTR (Untranslated Regions).

Keywords: RNA structures , Sheep genes , Codons , Polypeptides

ABSTRAK

Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui variasi struktur *ribonucleic acid (RNA)* 31 gen domba (*Ovis Aries*) yang akan ditranslasi menjadi polipeptida. Materi penelitian berupa 31 sekuen DNA *complete* yang berasal dari ternak domba (*Ovis aries*). Informasi sekuen DNA *complete* diambil dari database NCBI (*National Centre for Biotechnology Information*). Pencarian sekuen DNA *complete* dimulai dari bulan Oktober sampai November 2013. Data sekuen DNA *complete* dianalisis secara diskriptif dan diidentifikasi variasi pola atau bentuknya kemudian masing-masing dibandingkan untuk mengetahui ada tidaknya variasi bentuk struktur gen. Hasil penelitian menunjukkan terdapat tiga variasi bentuk struktur gen yaitu E_2C_{11} , EC_{11} dan EC_{22} . Bentuk struktur gen yang paling banyak yaitu struktur E_2C_{11} dengan frekuensi 27 gen atau sebesar 87%, struktur EC_{11} dengan frekuensi 3 gen atau sebesar 9,7% dan terakhir struktur EC_{22} dengan frekuensi 1 gen atau sebesar 3,3%. Adanya variasi ini disebabkan oleh perbedaan pola susunan bagian penyusun gen (ekson-intron), penyebaran posisi *initiation codon (initiation codon)* dan *stop codon (stop codon)* dan ada tidaknya UTR (*Untranslated Regions*).

Kata kunci: Struktur RNA, Gen domba, Kodon, Polipeptida

1 Pendahuluan

1.1 Latar Belakang

Proses mensekuen molekul DNA bukanlah hal yang mudah untuk dilakukan karena memerlukan keahlian dan ketelitian tinggi serta biaya yang mahal. Proyek penyelesaian sekuen seluruh rangkaian molekul DNA berbagai organisme, terutama yang memberikan nilai ekonomis bagi manusia bukan lagi menjadi urusan satu negara saja tetapi berbagai negara di dunia. Ribuan peneliti dari berbagai negara tersebut dilibatkan dalam proyek ini.

Kemajuan teknologi biologi molekuler yang semakin canggih menyebabkan proses sekuensing molekul DNA dapat dilakukan dengan lebih cepat sehingga jumlahnya terus meningkat dari tahun ke tahun. Hal ini tentunya perlu diatur sedemikian rupa sehingga informasi sekuen DNA tersebut dapat terdata secara sistematis. Beberapa negara telah mendirikan Bank DNA yang dapat diakses secara bebas demi kepentingan ilmu pengetahuan. Sekarang ini, berbagai informasi mengenai sekuen DNA dari berbagai spesies di muka bumi ini dapat diperoleh dengan mudah, cepat, dan murah melalui media internet. Data tersebut dapat diakses melalui tiga pusat database yaitu NCBI, DDBJ, dan EMBL, seluruh informasi mengenai DNA dapat diperoleh secara lengkap.

Hal ini memberikan peluang kepada semua pihak untuk ikut serta berperan aktif dalam memanfaatkan secara tepat dan kreatif data-data sekuen DNA tersebut. Informasi yang terkandung di dalamnya perlu diorganisasikan dan dianalisis sehingga menjadi sebuah informasi yang lebih bermakna. Salah satunya adalah memanfaatkan data-data sekuen DNA itu untuk mengetahui variasi susunan RNA.

1.2 Tujuan dan Manfaat

Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui variasi susunan RNA yang akan ditranslasi menjadi polipeptida. Hasil dari penelitian ini diharapkan bermanfaat untuk memberikan informasi dasar bagi semua pihak yang tertarik mempelajari susunan RNA.

2 Materi Dan Metode

2.1 Tempat Dan Waktu

Penelitian ini dilakukan pada bulan Oktober 2013 sampai November 2013. Semua data yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh melalui media internet dengan menggunakan laptop merk acer aspire one D257, hard disk 320 giga dan ram 2 giga.

2.2 Materi

Materi yang digunakan pada penelitian ini adalah 31 data sekuen DNA *complete* yang berasal dari ternak domba (*Ovis aries*). Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data sekunder yang diambil dari database NCBI (*National Centre for Biotechnology Information*).

2.3 Metode

2.3.1 Pengambilan Data

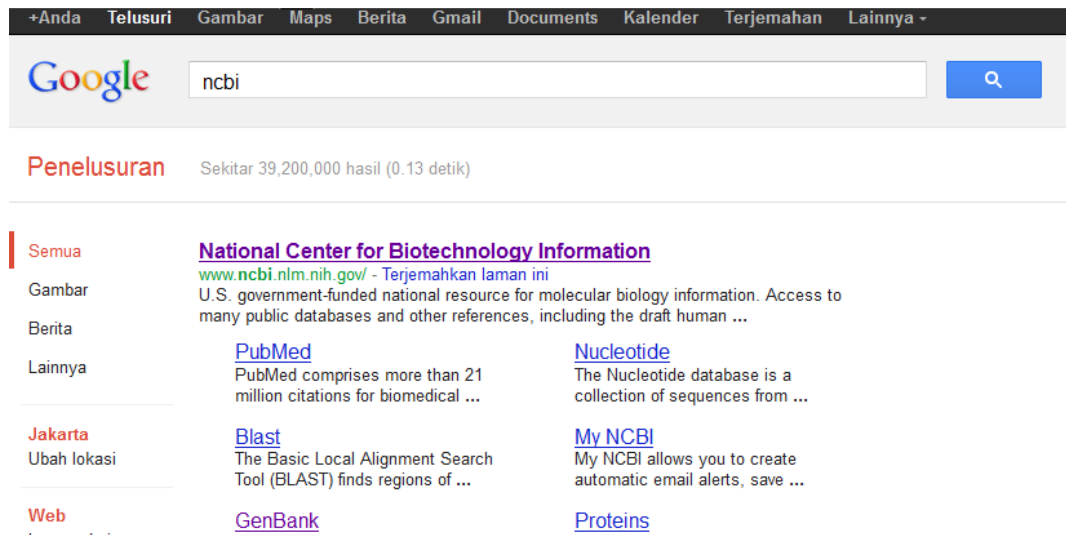
Data pada penelitian ini diambil melalui media internet. Tahapan-tahapan yang dilakukan adalah sebagai berikut:

- (a) *Icon internet explorer* di klik dua kali dengan cepat pada layar komputer
- (b) Setelah tampak tampilannya, pada kotak interaksi *address* ditulis *www.google.com*, lalu di *enter* maka akan muncul tampilan sebagai berikut:



Gambar 1. Tampilan *Google*

- (c) Pada kotak interaksi tampilan yang diperoleh ditulis *ncbi*, kemudian di *enter* maka akan tampak tampilan seperti pada gambar 2 sebagai berikut:



Gambar 2. Tampilan hasil pencairan *google*

(d) Lalu di klik *NCBI HomePage* maka akan tampak tampilan seperti pada gambar 3 sebagai berikut :



Gambar 3. Tampilan situs genbank

(e) Setelah tampak tampilannya, pada kotak interaksi *search* dipilih *nukleotida* dan pada kotak interaksi *for* ditulis: *Ovis aries, exon, intron* lalu di *enter* maka akan tampak tampilan seperti pada gambar 4 berikut ini.



Gambar 4. Tampilan nomor akses pada *genbank*

- (f) Pada hasil tampilan tersebut, gen yang dikehendaki kemudian di klik, lalu perhatikan posisi bagian-bagian penyusunnya, karena dalam penelitian ini diambil gen-gen yang telah selesai disekuen (*complete*). Ciri-ciri utama gen yang telah selesai disekuen adalah pada posisi ekson atau intron pertama maupun pada ekson atau intron terakhirnya tidak terdapat tanda lebih kurang (<) atau lebih besar (>) karena hal ini menunjukkan bahwa sekuen gen tersebut belum lengkap serta umumnya terdapat keterangan *complete cds* seperti gambar berikut ini:

Ovis aries alpha s1 casein (CSN1S1) gene, complete cds

GenBank: JN560175.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to:](#)

```

LOCUS       JN560175                18427 bp    DNA     linear   MAM 06-SEP-2011
DEFINITION  Ovis aries alpha s1 casein (CSN1S1) gene, complete cds.
ACCESSION   JN560175
VERSION     JN560175.1  GI:345422899
KEYWORDS    .
SOURCE      Ovis aries (sheep)
  ORGANISM  Ovis aries
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;
            Pecora; Bovidae; Caprinae; Ovis.
REFERENCE   1  (bases 1 to 18427)
AUTHORS     Calvo,J.H., Dervishi,E., Sarto,P., Berzal,B., Serrano,M. and Joy,M.
TITLE       Characterization of the ovine alpha s1-casein (CSN1S1) gene and
            association studies with milk protein content in Manchega sheep
            breed
JOURNAL     Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 18427)

```

Gambar 5. Tampilan sekuen DNA *complete* (NCBI database)

2.3.2 Interpretasi Data Sekuen DNA

Data sekuen DNA yang diperoleh selanjutnya diinterpretasikan dalam bentuk gambar dengan memanfaatkan informasi yang tersedia dalam tampilan struktur gen, yaitu :

- (a) Jumlah total ekson dan intron, bila jumlah ekson dua dan intron satu maka gambarkan seperti aslinya tetapi bila jumlahnya lebih dari itu gambarkan lima ekson dan empat intron saja agar lebih efisien
- (b) Perhatikan posisi *transcription initiation site* dan *transcription termination site*
- (c) Perhatikan posisi-posisi eksonnya serta posisi *initiation codon/start codon* dan *stop codon*
- (d) Hasilnya kemudian dianalisis secara deskriptif dan diidentifikasi apakah bentuk-bentuk struktur gen yang diperoleh memiliki pola homogen atau bervariasi.

2.3.3 Aturan Pemberian Nama Bentuk Struktur Gen

Pemberian nama bentuk struktur gen didasarkan pada perbedaan posisi awal dan akhir kodonnya serta bagian-bagian penyusunnya (ekson dan intron) dengan mengikuti aturan menurut Alamsyah (2004) sebagai berikut:

$$AC_{xy} \quad (1)$$

Keterangan:

A = bagian yang memulai struktur gen tersebut, bila dimulai dari ekson maka menjadi EC_{xy} dan bila dimulai dari intron maka menjadi IC_{xy}

C = kodon

X = posisi *IC/initiation codon* (dihitung dari ekson pertama)

Y = posisi *SC/stop codon* (dihitung dari ekson terakhir)

Khusus untuk struktur gen dengan posisi *initiation codon* dan *stop codon* berada pada ekson yang sama maka aturan pemberian namanya adalah AC_s . Notasi s menunjukkan posisi ekson yang sama. Pada penelitian ini ditemukan gen yang i posisi *initiation codon* dan *stop codon* berada pada ekson yang sama yaitu EC_{s2} .

2.4 Analisis Data

Data yang diperoleh pada penelitian ini kemudian dianalisis secara deskriptif. Bentuk-bentuk struktur DNA yang diperoleh ditentukan karakteristiknya lalu masing-masing dibandingkan untuk mengetahui ada tidaknya keteraturan pola bentuknya.

3 Hasil Dan Pembahasan

3.1 Variasi Struktur DNA Domba (*Ovis aries*)

Hasil observasi gen domba (*Ovis aries*) dari genbank diperoleh sekuen DNA *complete* sebanyak 31 gen seperti pada tabel berikut :

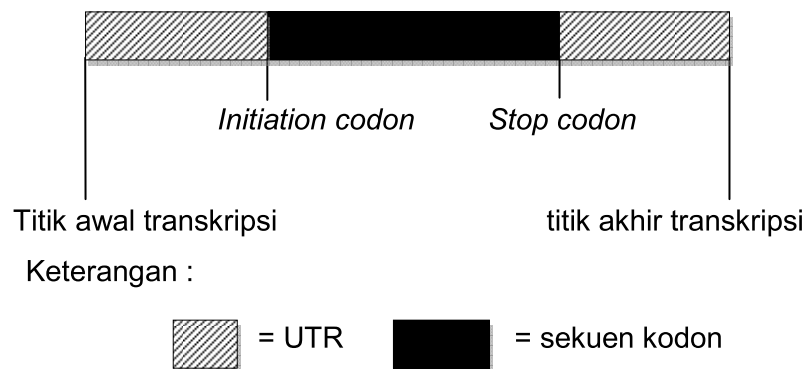
Tabel 1. Nama dan nomor akses serta kualifikasi dari 31 gen domba yang diamati

No	Nama Gen	Nomor Akses	Kualifikasi
1	angiotensin II type-1 receptor (AT1)	AF069750	Produksi angiotensin II type-1 receptor
2	C-type natriuretic peptide (CNP)	AF037467	Produksi <i>C-type natriuretic peptide</i>
3	alpha s1 casein (CSN1S1)	JN560175	Produksi <i>alpha s1 casein</i>
4	dickkopf-like protein 1 precursor (DKK1)	JQ348893	Produksi <i>dickkopf-like protein 1 precursor</i>
5	glutathione peroxidase 5 (GPx5)	JQ320282	Produksi <i>glutathione peroxidase 5</i>
6	opion I alpha globin (HBAI)	EU938070	Produksi <i>I alpha globin</i>
7	musimon I alpha globin (HBAI)	EU938073	Produksi <i>I alpha globin</i>
8	musimon II alpha globin (HBAII)	EU938077	Produksi <i>II alpha globin</i>
9	musimon breed Cyprus mouflon beta globin chain (HBB)	DQ352469	Produksi <i>beta globin chain</i>
10	keratin associated protein 6 (KAP6)	FJ712682	Produksi <i>keratin associated protein 6</i>
11	keratin associated protein 6 (KAP6)	FJ712676	Produksi <i>keratin associated protein 6</i>
12	keratin-associated protein 7 (KAP7)	JN639007	Produksi <i>keratin-associated protein 7</i>
13	KAP7M6 keratin associated protein 7 (KAP7)	JN707699	Produksi <i>keratin associated protein 7</i>
14	keratin associated protein 8 (KAP8) alel A	FJ712662	Produksi <i>keratin associated protein 8</i>
15	keratin associated protein 8 (KAP8) alel B	FJ712668	Produksi <i>keratin associated protein 8</i>
16	keratin associated protein 8 (KAP8) alel C	FJ712672	Produksi <i>keratin associated protein 8</i>
17	keratin-associated protein KAP7-1 (KRTAP7-1) alel A	JN091630	Produksi <i>keratin-associated protein KAP7-1</i>
18	keratin-associated protein KAP7-1 (KRTAP7-1) alel B	JN091631	Produksi <i>keratin-associated protein KAP7-1</i>
19	keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel A	JN091632	Produksi <i>keratin-associated protein KAP8-1</i>
20	keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel B	JN091633	Produksi <i>keratin-associated protein KAP8-1</i>
21	keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel C	JN091634	Produksi <i>keratin-associated protein KAP8-1</i>
22	keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel D	JN091635	Produksi <i>keratin-associated protein KAP8-1</i>
23	keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel E	JN091636	Produksi <i>keratin-associated protein KAP8-1</i>
24	homeobox protein OTX2 (OTX2) gene	JN581044	Produksi <i>homeobox protein OTX2</i>
25	tyrosinase gene	HQ875337	Produksi <i>tyrosinase</i>
26	Dichelobacter nodosus A198 LpsA (lpsA), putative peptide releas factor 3 (prfC), and putative amino acid binding protein (aabA)	U06471	Produksi <i>LpsA, PrfC/RF3</i>
27	isolate Tansheep10 prion protein (PRNP)	JF514143	Produksi <i>prion protein</i>
28	isolate Tansheep8 prion protein (PRNP)	JF514141	Produksi <i>prion protein</i>
29	prion protein (PRNP)	FJ792606	Produksi <i>prion protein</i>
30	beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1 (ST6GAL1)	JQ423938	Produksi <i>beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1</i>
31	transmembrane protein 154 (TMEM154)	HM355886	Produksi <i>transmembrane protein 154</i>

Berdasarkan pola susunan bagian penyusun DNA dan penyebaran posisi awal dan akhir kodonnya, maka dari 31 gen yang diamati pada tabel diatas dapat dibagi dalam tiga variasi bentuk.

3.2 Bentuk Susunan EC_{s2}

Susunan EC_{s2} merupakan susunan DNA dengan posisi *initiation codon* dan *stop codon* terletak pada satu ekson yang sama. Kedua kodon tersebut hanya ditemukan di dalam ekson pertama. Bentuk susunan ini dapat dilihat pada Gambar 6 sebagai berikut.



Gambar 6. Bentuk susunan EC_{s2}

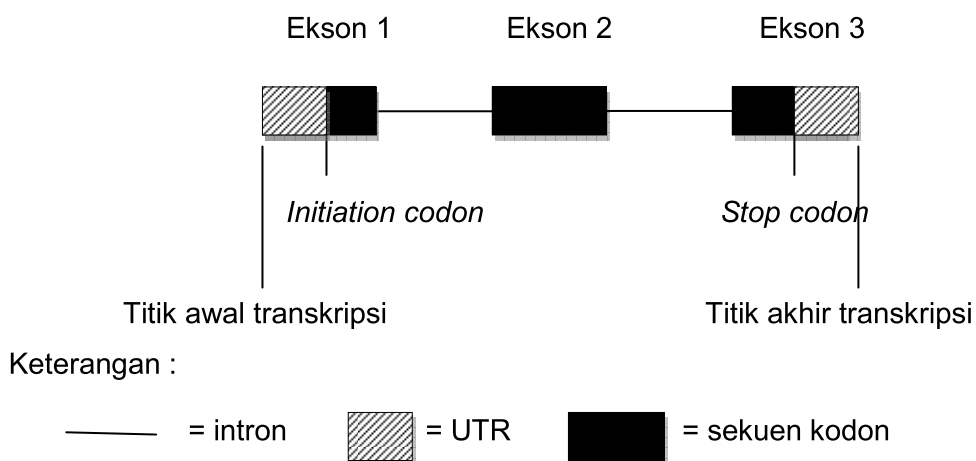
Bentuk susunan seperti ini, ditemukan dalam jumlah yang besar yaitu sebanyak 27 gen atau 87%. Gen-gen yang memiliki struktur EC_{s2} antara lain gen *angiotensin II type-1 receptor (AT1)*, gen *C-type natriuretic peptide (CNP)*, gen *dickkopf-like protein 1 precursor (DKK1)*, gen *glutathione peroxidase 5 (GPx5)*, gen *musimon breed Cyprus mouflon beta globin chain (HBB)*, gen *keratin associated protein 6 (KAP6)*, gen *keratin associated protein 6 (KAP6)*, gen *keratin-associated protein 7 (KAP7)*, gen *KAP7M6 keratin associated protein 7 (KAP7)*, gen *keratin associated protein 8 (KAP8) alel A*, gen *keratin associated protein 8 (KAP8) alel B*, gen *keratin associated protein 8 (KAP8) alel C*, gen *keratin-associated protein KAP7-1 (KRTAP7-1) alel A*, gen *keratin-associated protein KAP7-1 (KRTAP7-1) alel B*, gen *keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel A*, gen *keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel B*, gen *keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel C*, gen *keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel D*, gen *keratin-associated protein KAP8-1 (KRTAP8-1) alel E*, gen *homeobox protein OTX2 (OTX2)*, gen *tyrosinase*, gen *Dichelobacter nodosus A198 LpsA (lpsA)*, gen *putative peptide releas factor 3 (prfC)*, gen *putative amino acid binding protein (aabA)*, gen *isolate Tansheep10 prion protein (PRNP)*, gen *isolate Tansheep8 prion protein (PRNP)*, gen *prion protein*

(*PRNP*), gen *beta-galactosamide alpha-2,6-sialyltransferase 1 (ST6GAL1)* dan gen *transmembrane protein 154 (TMEM154)*.

Berdasarkan pengamatan yang dilakukan, ternyata bentuk susunan ini memiliki ciri yang *khas* yaitu hanya ditemukan pada gen yang memiliki susunan satu ekson dengan posisi *initiation codon* dan *stop codon*nya selalu berada pada ekson pertama. Bentuk ini merupakan bentuk susunan terkecil yang ditemukan dalam penelitian ini. Hal ini merupakan manifestasi dari ciri khas struktur gen organism eukariot yaitu bersifat terbelah oleh bagian intron, kecuali pada gen-gen histon dan interferon antiviral (Kimball, 1983). Selanjutnya bentuk susunan yang hanya tersusun atas satu ekson dapat disebut sebagai susunan minimal dari DNA. Posisi titik awal transkripsi dengan *initiation codon* dan antara *stop codon* dengan titik akhir transkripsi tidak sama tetapi terdapat jarak beberapa nukleotida sehingga bentuk susunan ini memiliki 5'UTR dan 3'UTR. Proses transkripsi dimulai sebelum *initiation codon* dan berakhir setelah *stop codon*. Ini berarti bahwa mRNA mempunyai *untranslated regions* pada masing-masing ujungnya yaitu 5'UTR dan 3'UTR (Nicholas, 1996). Bagaian ini dipresentasikan di dalam molekul mRNA tetapi selamanya tidak akan diterjemahkan ke dalam rangkaian asam-asam amino (Watson *et al.*, 1987).

3.3 Bentuk Susunan EC₁₁

Susunan EC₁₁ merupakan susunan DNA dengan posisi *initiation codon* terletak pada ekson pertama dan *stop codon* terletak pada ekson terakhir dengan jarak tertentu dari titik akhir transkripsi. Bentuk susunan diberikan pada Gambar 7.



Gambar 7. Bentuk susunan EC₁₁

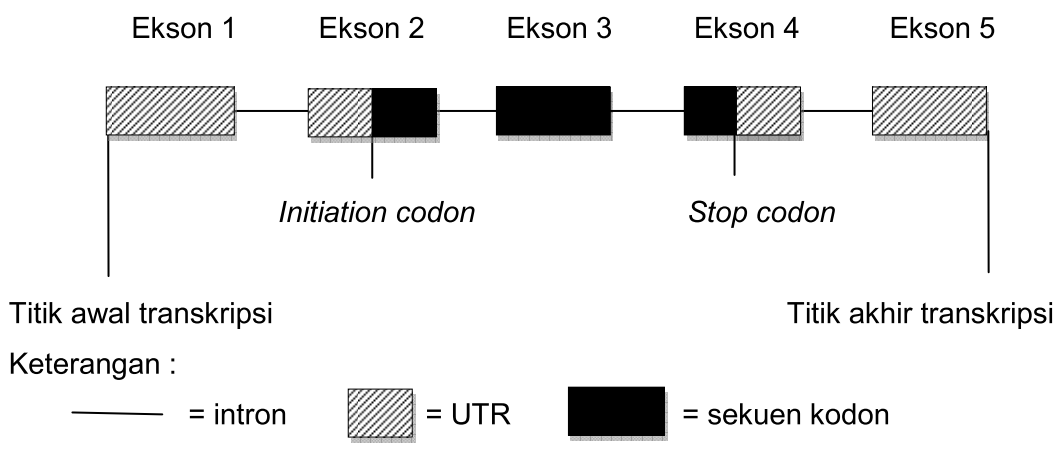
Bentuk susunan seperti ini paling banyak kedua ditemukan setelah bentuk susunan EC_{s2} yaitu sebanyak 3 gen atau sebesar 9,7%. Gen-gen yang memiliki struktur EC₁₁ antara lain gen *ophion I alpha globin (HBAI)*, gen *musimon I alpha globin (HBAI)* dan gen *musimon II alpha globin (HBAII)*. Ciri khas dari bentuk susunan seperti

ini yaitu hanya dapat terjadi apabila suatu gen minimal tersusun atas tiga ekson dan dua intron dengan jarak antara *initiation codon* dan *stop codon*nya minimal dibatasi oleh satu ekson.

Bentuk susunan ini memiliki 5'UTR dan 3'UTR. Perlu diketahui bahwa bagian UTR hanya terdapat pada bagian ekson dan tidak pada bagian intron, sehingga UTR dan intron memiliki pengertian yang berbeda. Intron merupakan bagian gen yang transkripsi ke dalam *pre-mRNA* tetapi tidak dipresentasikan di dalam molekul mRNA, sedangkan UTR terdapat dalam molekul mRNA hanya saja bagian UTR ini selamanya tidak akan pernah ditranslasi menjadi rangkaian asam-asam amino. Hal ini disebabkan karena UTR tidak mengandung basa-basa nitrogen yang disebut dengan kodon. Sekuen kodon juga hanya terdapat di dalam bagian ekson dan tidak pada bagian intron, tetapi tidak selalu seluruh bagian ekson merupakan sekuen kodon. Artinya, ekson belum tentu kodon tetapi kodon sudah pasti merupakan ekson. Sebenarnya, sekuen kodon merupakan rangkaian DNA pada gen yang sesungguhnya akan diterjemahkan menjadi rantai polipeptida (Nicholas, 1996).

3.4 Bentuk Susunan EC₂₂

Susunan EC₂₂ merupakan susunan RNA dengan posisi *initiation codon* terletak pada ekson kedua dengan jarak tertentu dari titik awal transkripsi dan posisi *stop codon* terletak pada satu ekson sebelum ekson terakhir. Bentuk ini dapat dilihat pada Gambar 8.



Gambar 8. Bentuk susunan EC₂₂

Bentuk susunan seperti gambar diatas ditemukan dalam jumlah yang sedikit yaitu hanya satu gen atau sebesar 3,3%. Gen yang memiliki struktur EC₂₂ adalah gen *alpha s1 casein (CSN1S1)*. Bentuk susunan ini juga memiliki 5'UTR dan 3'UTR,

dengan bagian 5'UTR-nya meliputi seluruh bagian ekson pertama ditambah dengan ekson kedua yang tidak termasuk ke dalam kodon. Sementara bagian 3'UTR-nya meliputi seluruh bagian ekson terakhir ditambah dengan satu bagian ekson tepat sebelum ekson terakhir yang tidak termasuk ke dalam kodon. Berdasarkan pengamatan terhadap bentuk susunan EC_{22} maka bentuk susunan ini pun hanya dapat terjadi apabila suatu gen minimal tersusun atas lima ekson dan empat intron.

Pada penjelasan sebelumnya, bahwa bagian UTR hanya terdapat pada bagian ekson dan tidak pada bagian intron, sehingga UTR dan intron memiliki pengertian yang berbeda. Intron merupakan bagian gen yang transkripsi ke dalam *pre-mRNA* tetapi tidak dipresentasikan di dalam molekul mRNA sedangkan UTR terdapat dalam molekul mRNA. Hanya saja bagian UTR ini selamanya tidak akan pernah ditranslasi menjadi rangkaian asam-asam amino karena tidak mengandung basa-basa nitrogen yang disebut dengan kodon. Sekuen kodon juga hanya terdapat di dalam bagian ekson dan tidak pada bagian intron, tetapi tidak selalu seluruh bagian ekson merupakan sekuen kodon. Artinya, ekson belum tentu kodon tetapi kodon sudah pasti merupakan ekson. Sebenarnya, sekuen kodon merupakan rangkaian DNA pada gen yang sesungguhnya akan diterjemahkan menjadi rantai polipeptida.

3.5 Empat Kaidah Utama

Berdasarkan pengamatan terhadap bentuk-bentuk susunan EC_{s2} , EC_{22} , dan EC_{11} maka didapatkan empat fenomena yang ditetapkan dalam empat kaidah yaitu:

(1) Kaidah Bentuk Susunan Terkecil

Bentuk susunan E_2C_{11} memiliki ciri khas yaitu minimal dapat terbentuk apabila gen tersusun atas satu ekson dengan posisi *initiation codon* dan *stop codonnya* terletak pada ekson yang sama. Fakta ilmiah ini melahirkan sebuah kaidah yang disebut dengan kaidah "Bentuk Susunan Terkecil". Bentuk susunan EC_{s2} memiliki ciri khas yaitu sudah dapat terbentuk apabila gen minimal tersusun atas satu ekson saja. Hal ini sebenarnya merupakan penerapan dari prinsip kaidah "Bentuk Susunan Terkecil".

(2) Kaidah Batas Satu Ekson

Bentuk susunan EC_{11} memiliki ciri khas yaitu minimal dapat terbentuk apabila gen tersusun atas tiga ekson dan dua intron dengan posisi *initiation codon* dan *stop codonnya* dibatasi oleh satu ekson. Fakta ilmiah ini melahirkan sebuah kaidah yang disebut dengan kaidah "Batas Satu Ekson". Bentuk susunan EC_{22} memiliki ciri khas yaitu hanya dapat terbentuk apabila gen minimal tersusun atas lima ekson dan empat intron. Hal ini sebenarnya merupakan penerapan dari prinsip kaidah "Batas Satu Ekson".

(3) Kaidah Posisi Maksimal

Berdasarkan pengamatan terhadap bentuk susunan EC_{11} dan EC_{22} , didapatkan bahwa posisi *initiation codon* maksimal berada pada ekson kedua dan tidak ditemukan pada ekson ketiga atau lebih. Begitu pula halnya dengan posisi *stop codon* yaitu maksimal berada pada ekson kedua sebelum ekson terakhir dan tidak ditemukan pada posisi ekson ke tiga sebelum ekson terakhir atau lebih. Keteraturan pola ini ditetapkan pula menjadi sebuah kaidah yang disebut dengan kaidah "Posisi Maksimal".

(4) Kaidah Batas Minimal

Berdasarkan pengamatan terhadap bentuk susunan EC_{11} dan EC_{22} , didapatkan bahwa bila posisi *initiation codon* berada pada ekson pertama maka posisi *stop codon* dapat berada pada ekson terakhir dan ini merupakan pergeseran minimalnya. Apabila posisi *initiation codon* berada pada ekson kedua maka posisi *stop codon* minimal hanya dapat berada pada satu ekson sebelum ekson terakhir. Fakta ilmiah ini ditetapkan menjadi suatu kaidah yang disebut dengan kaidah "Batas Minimal".

Keempat kaidah ini disebut dengan empat kaidah utama dan hanya berlaku untuk RNA yang memiliki minimal satu ekson terdapat 5'UTR dan 3'UTR serta khusus untuk ternak domba. Ketentuan ini saling berkaitan dan tidak dapat berdiri sendiri sehingga seluruhnya harus dipenuhi oleh bentuk susunan RNA. Aplikasi dari empat kaidah utama ini yaitu dapat digunakan untuk menentukan atau memperkirakan bentuk susunan yang mungkin dari informasi data sekuen DNA-nya dengan hanya mengetahui beberapa peubah saja. Beberapa contoh kasusnya adalah sebagai berikut:

- (a) Bila didapatkan informasi bahwa suatu sekuen DNA dari sebuah gen terdiri dari satu ekson saja maka tanpa harus menggambarkan terlebih dahulu, dengan cepat dapat ditentukan bentuk susunannya yaitu EC_{s2}
- (b) Bila didapatkan informasi bahwa suatu sekuen DNA dari sebuah gen terdiri dari tiga ekson dan dua intron maka tanpa harus menggambarkan terlebih dahulu, dengan cepat dapat ditentukan bentuk susunannya yaitu EC_{11} .
- (c) Bila didapatkan informasi bahwa sekuen DNA suatu gen terdiri dari 17 ekson dan 16 intron dengan posisi *initiation codon*nya berada pada ekson kedua, maka dengan cepat dapat ditentukan bentuk susunannya yaitu EC_{22} .

4 Kesimpulan Dan Saran

4.1 Kesimpulan

Informasi sekuen DNA dari NCBI database dapat memberikan gambaran mengenai bentuk struktur gen ternak. Hasil deskripsi dan analisa susunan DNA pada organism eukariot, khususnya pada ternak domba tidak bersifat tetap tetapi bervariasi. Variasi ini disebabkan oleh pola susunan bagian penyusun gen yaitu ekson-intron dan penyebaran posisi *initiation codon* dan *stop codon*.

4.2 Saran

Aplikasi dari penelitian ini dapat digunakan untuk membandingkan struktur gen yang sama antar ternak yang berbeda untuk data homologi dan membuat diagram filogenik. Penelitian yang berkesinambungan diperlukan agar memperoleh hasil yang lebih optimal. Peningkatan produktivitas ternak dapat dicapai melalui pendekatan genetika dan pendekatan manajemen yang terpadu.

Daftar Pustaka

- Homepage NCBI. (30 November 2013). The Nucleotide Sequence Database, from <http://www.ncbi.nlm.nih.html>.
- Kimball, J. W. (1983). Biologi. Edisi kelima. Terjemahan. Erlangga, Jakarta.
- Lewin, B. (1990). Genes IV. Cell Press, Cambridge, Mass. Oxford University Press, Walton Street, Oxford OX2 6DP.
- Li, W. H & D. Graur. (1991). Fundamental of Molecular Evolution. Sinauer Associates, Inc., United State.
- Mizrachi, I. (2003). GenBank: The Nucleotide Sequence Database. Diakses 28 Januari 2004, dari <http://www.ncbi.nlm.nih.html>.
- Moran, C. (1993). Microsatellite repeats in pig (*Sus domestica*) and chicken (*Gallus domesticus*) genomes, 84:274-280. Diakses 30 Oktober 2013, dari <http://jhered.oxfordjournals.org>.
- Moxon, E. R & C. Will. (1999). DNA microsatellites. A Gen of Evolution. Scientific American, USA.
- Muladno, S. Sulandari & R. Priyanto. (1999). Identification of single base mutation in the ryanodine receptor (*ryr-1*) gene associated with carcass quality of commercial pigs in Indonesia. Jakarta 31 Januari 1999 from *Proceeding of ITSF One Day Seminar*, Hotel Hilton Indonesia.
- Muladno. (2002). Seputar Teknologi Rekayasa Genetika. Pustaka Wirausaha Muda, Bogor.
- NHGRI. (7 April 2004). Graphic Gallery Index. From <http://www.accesexcellence.org/AB/GG/genes.html>.

- Nicholas, F. W. (1996). Introduction to Veterinary Genetic. Oxford University Press, Inc., New York.
- O'Brien, S. J & J. A. Marshall. G. (1991). Report of the commite on comparative gene mapping. *Cytogenetics and Cell Genetics* 58,1124-1151.
- Page, D. S. (1981). Prinsip-prinsip Biokimia. Edisi kedua. Terjemahan. Erlangga, Jakarta.
- Sulandari, S., Muladno, T. Harumi, S. Yanai, Y. Wada & H. Yasue. (1997). Localization of swine PRE-1 homologues in 13 loci of phacochoerus aethipicus and Tayassu tajacu genomes, and their sequence divergence. *Animal Genetics* 28,210-215.
- Watson, D. J., N. H. Hopkins, J. W. Robert, J. A. Steitz & A. M. Weiner. (1987). Molecular Biology of The Gene. Fourth Edition. Cummings Publishing Company, Inc.