

Keanekaragaman Genetik Kerbau (*Bubalus sp.*) di Asia Tenggara melalui Kajian Gen *Cytochrome b* (*cyt b*) *in-Silico*

Nadia Shafira Eka Putri¹, Pramesti Eka Putri Nugraha¹, Alfina Izul Ula¹, Deva Putri Dianingsih¹, Yumna Ghina Ilma¹, Agus Muji Santoso¹

¹ Progam Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Ilmu Kesehatan dan Sains, Universitas Nusantara PGRI Kediri

* Penulis korespondensi: nadiasshfrep@gmail.com

ABSTRACT

Water buffalo (*Bubalus sp.*) is a livestock species that originated from the wild buffalo domesticated in India and now is widely distributed, including in Southeast Asia. In Southeast Asia, water buffalo are utilized as draft animals, for meat production, and in traditional ceremonies. The significance of this species necessitates studies on its genetic diversity to support breeding programs and understand its evolutionary history. This article aims to investigate the genetic diversity of the water buffalo (*Bubalus bubalis*) in Southeast Asia through an *in-silico* study. The implemented methodology is an exploratory descriptive research design, which involved the inventory of Cytochrome b (*cyt b*) gene sequences from the NCBI GenBank database. The inventory results found a total of 38 *cyt b* gene sequences of *Bubalus bubalis* originating from Southeast Asia. These sequences originated from the Philippines (25 samples, 906 bp), Indonesia (3 samples, 906 bp), Thailand (10 samples, varying from 359 bp to 1117 bp), and Vietnam (1 sample, 560 bp). The difference in gene length caused variation in the gene sequences. These variations included nucleotide substitution patterns such as transitions (C→T, T→C, G→A) and transversions (A→T, T→A, C→A, A→C), as well as a cytosine insertion. This variation is important as it can potentially influence the genetic variability of the water buffalo population in Southeast Asia.

Key words:

Genetic Diversity, *Bubalus bubalis*, Cytochrome b, Southeast Asia

Riwayat artikel

Diterima:16/11/2025

Diperbaiki:-

Terbit:8/5/2026

PENDAHULUAN

Kerbau (*Bubalus sp.*) adalah spesies ternak dengan distribusi geografis luas di Asia, Afrika, dan Eropa, berasal dari proses domestikasi kerbau liar di India (Yuliani *et al.*, 2021). Di Asia Tenggara, kerbau memiliki signifikansi ekologis dan sosio-ekonomi yang tinggi, dimanfaatkan secara multifungsi sebagai hewan pekerja (seperti penarik cikar atau pembajak sawah), sumber protein (pedaging), dan memiliki peran sentral dalam ritual adat dan kebudayaan lokal (Hariyadi *et al.*, 2022). Oleh karena pemanfaatannya yang luas, kerbau menjadi prioritas utama dalam kajian keanekaragaman genetik. Penelitian ini esensial untuk mendukung program pemuliaan selektif jangka panjang (Mastrochirico-Filho *et al.*, 2019). Evaluasi variabilitas genetik adalah prasyarat dasar untuk mencegah hilangnya keragaman genetik (Edea *et al.*, 2018), sekaligus memberikan wawasan filogenetik mengenai sejarah evolusi spesies di Asia Tenggara (Goyal *et al.*, 2017).

Kompleksitas hubungan kerbau dan masyarakat, yang tercermin dalam praktik etnozooologi, menuntut upaya konservasi terencana agar galur genetik unggul dapat dikelola secara optimal (Borghese, 2017). Secara teknis, studi keragaman genetik mengandalkan analisis genom mitokondria (mtDNA), menggunakan penanda molekuler seperti *D-loop*, *Cytochrome b* (*cyt b*), dan *Cytochrome Oxidase I* (COI) untuk menentukan kekerabatan (Kumar *et al.*, 2007; Saputra *et al.*, 2013; Paraguas *et al.*, 2018). Meskipun *cyt b* terbukti memiliki keragaman sekuens lebih tinggi daripada COI (Tobe *et al.*, 2010), ia dinilai sebagai penanda efisien untuk karakterisasi genetik pada tingkat genus (Konishi *et al.*, 2019; Triesita *et al.*, 2018).

Berdasarkan urgensi tersebut, penelitian ini berfokus pada analisis komprehensif terhadap keanekaragaman genetik populasi kerbau. Informasi yang dihasilkan diharapkan mampu meningkatkan mutu genetik dan memperkaya literatur ilmiah tentang pengelolaan sumber daya genetik *Bubalus sp.* di Asia Tenggara.

METODE

Penelitian ini dilaksanakan pada periode April hingga Juli 2024 di Kampus 1 Universitas Nusantara PGRI Kediri dengan menggunakan metode deskriptif eksploratif, yang berfokus pada inventarisasi dan karakterisasi data genetik. Materi penelitian primernya adalah sekuens gen *Cytochrome b* (*cyt b*) dari spesies kerbau (*Bubalus bubalis*), yang diperoleh dari basis data publik NCBI GenBank (National Center for Biotechnology Information) melalui alamat <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Perangkat keras yang digunakan terdiri dari dua unit laptop (Asus Vivobook Go 14 dengan RAM 8 GB dan Asus X453S dengan RAM 2 GB) yang terhubung ke internet untuk proses pengunduhan data, sedangkan perangkat lunak yang dimanfaatkan adalah Notepad untuk manipulasi data teks dan aplikasi BioEdit Sequence Alignment Editor (Versi 7.2.5.0) untuk analisis sekuens. Prosedur penelitian meliputi inventarisasi data dari GenBank dengan memasukkan kata kunci spesifik "*Bubalus bubalis cyt b*" dan mengunduh sekuens yang sesuai. Selanjutnya, semua sekuens gen *Bubalus bubalis cyt b* disalin secara berurutan ke dalam Notepad, diberi label sesuai nama spesies, dan disimpan dalam format .fasta, yang merupakan standar format data sekuens biologi. Langkah terakhir adalah preparasi dan karakterisasi sekuens menggunakan aplikasi BioEdit; aplikasi ini berfungsi memfasilitasi visualisasi urutan nukleotida dan menentukan panjang sekuens DNA dalam satuan pasangan basa (*base pair*, bp) untuk setiap sampel, sebelum kemudian sampel dikarakterisasi dan disimpan ulang dalam format .fasta.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil inventarisasi gen *cyt b* *Bubalus bubalis* dari laman Genbank NCBI didapati 38 sekuens gen *cyt b* *B. bubalis* di wilayah Asia Tenggara yang tercantum sebagai berikut:

Tabel 1. Inventarisasi sekuens gen *cyt b* *Bubalus bubalis* Filipina dari Genbank NCBI

No	Tahun	Kode Akses	Nama Spesies	Panjang Gen (bp)
1	2023	OQ460308	<i>B. bubalis</i> isolate OCM15	906
2	2021	OQ460316	<i>B. bubalis</i> isolate CAR32	906
3	2021	OQ460317	<i>B. bubalis</i> isolate CLD03	906
4	2023	OQ460329	<i>B. bubalis</i> isolate GP204	906
5	2023	OQ460330	<i>B. bubalis</i> isolate BHL13	906
6	2023	OQ460331	<i>B. bubalis</i> isolate AU10	906
7	2023	OQ460335	<i>B. bubalis</i> isolate BTS07	906
8	2023	OQ460336	<i>B. bubalis</i> isolate CAG43	906
9	2023	OQ460337	<i>B. bubalis</i> isolate CAL09	906
10	2023	OQ460352	<i>B. bubalis</i> isolate CPZ21	906
11	2023	OQ460369	<i>B. bubalis</i> isolate DVO20	906

12	2023	OQ460377	<i>B. bubalis</i> isolate G-ILL09	906
13	2023	OQ460391	<i>B. bubalis</i> isolate GMR23	906
14	2023	OQ460392	<i>B. bubalis</i> isolate ILO20	906
15	2023	OQ460394	<i>B. bubalis</i> isolate LA01	906
16	2023	OQ460397	<i>B. bubalis</i> isolate SK12	906
17	2023	OQ460407	<i>B. bubalis</i> isolate NCOT12	906
18	2023	OQ460408	<i>B. bubalis</i> isolate PA04	906
19	2023	OQ460425	<i>B. bubalis</i> isolate SCOT24	906
20	2023	OQ460447	<i>B. bubalis</i> isolate SK29	906
21	2023	OQ460453	<i>B. bubalis</i> isolate SMR06	906
22	2023	OQ460471	<i>B. bubalis</i> isolate SRN25	906
23	2023	OQ460475	<i>B. bubalis</i> isolate TAL11	906
24	2023	OQ460476	<i>B. bubalis</i> isolate LYT05	906
25	2023	OQ460478	<i>B. bubalis</i> isolate ZAM43	906

Berdasarkan tabel 1, hasil inventarisasi *Genbank* diperoleh 25 sekuen gen *cyt b Bubalus bubalis* yang berasal dari Filipina yaitu *B. bubalis* isolate OCM15, *B. bubalis* isolate CAR32, *B. bubalis* isolate CLD03, *B. bubalis* isolate GP204, *B. bubalis* isolate BHL13, *B. bubalis* isolate AU10, *B. bubalis* isolate BTS07, *B. bubalis* isolate CAG43, *B. bubalis* isolate CAL09, *B. bubalis* isolate CPZ21, *B. bubalis* isolate DVO20, *B. bubalis* isolate G-ILL09, *B. bubalis* isolate GMR23, *B. bubalis* isolate ILO20, *B. bubalis* isolate LA01, *B. bubalis* isolate SK12, *B. bubalis* isolate NCOT12, *B. bubalis* isolate PA04, *B. bubalis* isolate SCOT24, *B. bubalis* isolate SK29, *B. bubalis* isolate SMR06, *B. bubalis* isolate SRN25, *B. bubalis* isolate TAL11, *B. bubalis* isolate LYT05, *B. bubalis* isolate ZAM43. Masing-masing sampel gen *cyt b Bubalus bubalis* yang dikoleksi dari Filipina memiliki panjang sekuen yang sama yaitu 906 bp.

Berdasarkan tabel 2, hasil inventarisasi *Genbank* diperoleh 3 sekuen gen *cyt b Bubalus bubalis* yang berasal dari Indonesia yaitu *B. bubalis* isolate Bg2, *B. bubalis* isolate Yg2, *B. bubalis* isolate Md. Masing-masing sampel *cyt b* yang dikoleksi dari Indonesia memiliki panjang gen yang sama yaitu 906 bp.

Tabel 2. Inventarisasi sekuen gen cyt b Bubalus spp. Indonesia dari Genbank NCBI

No	Tahun	Kode Akses	Nama Spesies	Panjang Gen (bp)
1	2019	MK499429	<i>B. bubalis</i> isolate Bg2	906
2	2019	MK499432	<i>B. bubalis</i> isolate Yg2	906
3	2019	MK499433	<i>B. bubalis</i> isolate Md	906

Tabel 3. Inventarisasi sekuen gen cyt b Bubalus bubalis Thailand dari Genbank NCBI

No	Tahun	Kode Akses	Nama Spesies	Panjang Gen (bp)
1	2016	EF52451	<i>B. bubalis</i>	1025
2	2016	FJ556569	<i>B. bubalis</i> isolate Buffalo03	1117
3	2023	OK181421	<i>B. bubalis</i> isolate 1An20_1	359
4	2023	OK181423	<i>B. bubalis</i> isolate An29_1	359
5	2023	OK181425	<i>B. bubalis</i> isolate 2Ma29_1	359
6	2023	OK181426	<i>B. bubalis</i> isolate Cu29_1	359
7	2023	OK181427	<i>B. bubalis</i> isolate 2Cu29_1	359
8	2023	OK181430	<i>B. bubalis</i> isolate 3Cu31_1	359
9	2023	OK181431	<i>B. bubalis</i> isolate 4An31_1	359
10	2023	OK181432	<i>B. bubalis</i> isolate 1Ae31_1	359

Berdasarkan tabel 3, hasil inventarisasi *Genbank* diperoleh 10 sekuen gen *cyt b Bubalus bubalis* yang berasal dari Thailand yaitu *B. bubalis*, *B. bubalis* isolate Buffalo03, *B. bubalis* isolate

1An20_1, *B. bubalis* isolate An29_1, *B. bubalis* isolate 2Ma29_1, *B. bubalis* isolate Cu29_1, *B. bubalis* isolate 2Cu29_1, *B. bubalis* isolate 3Cu31_1, *B. bubalis* isolate 4An31_1, *B. bubalis* isolate 1Ae31_1. Masing-masing sampel cyt b yang dikoleksi dari Thailand memiliki panjang gen yang berbeda. Spesies *B. bubalis* memiliki panjang gen 1025 bp, spesies *B. bubalis* isolate Buffalo03 memiliki panjang gen 1117 bp. Sedangkan spesies *B. bubalis* isolate 1An20_1, *B. bubalis* isolate An29_1, *B. bubalis* isolate 2Ma29_1, *B. bubalis* isolate Cu29_1, *B. bubalis* isolate 2Cu29_1, *B. bubalis* isolate 3Cu31_1, *B. bubalis* isolate 4An31_1, *B. bubalis* isolate 1Ae31_1 memiliki panjang 359 bp.

Tabel 4. Inventarisasi sekuen gen cyt b *Bubalus bubalis* Vietnam dari Genbank NCBI

No	Tahun	Kode Akses	Nama Spesies	Panjang Gen (bp)
1	2016	GQ154521	<i>B. bubalis</i>	560

Berdasarkan tabel 4, hasil inventarisasi dari Genbank diperoleh 1 sekuen gen *Bubalus bubalis* yang berasal dari Vietnam yaitu *B. bubalis* dengan panjang gen 560 bp. Adanya perbedaan panjang gen menimbulkan perbedaan sekuen gen pada beberapa lokasi. Perbedaan tersebut disajikan pada tabel 5. Pengelompokan perbedaan menganut pola perubahan nukleotida yaitu insersi dan substitusi. Ada dua macam substitusi, yaitu transisi dan transversi.

Berdasarkan Tabel 5, ada 3 pola perubahan nukleotida transisi yang ditemukan. Pertama, transisi C→T yang ditemukan pada nomor 115 dan 670. Kedua, transisi T→C pada nomor 550 dan 565 serta transisi G→A hanya ditemukan pada nomor 754. Sebaliknya, terdapat 4 pola transversi yaitu A→T pada nomor 430 dan 475; T→A pada nomor 438; C→A pada nomor 451, kemudian A→C pada nomor 860. Terdapat 1 pola insersi sitosin pada nomor 103.

Tabel 5. Tabel Insersi dan Substitusi (Transisi dan Transversi)

Sample	Sites										
	103*	115	430	438	451	475	550	565	670	754	860
OQ460308.1	-	C	A	T	C	A	T	T	C	G	A
OQ460316.1	-	.	.	.	.	.	C	C	T	.	.
OQ460317.1	-	.	.	.	.	T	C	.	.	A	.
OQ460329.1	-	.	.	.	.	T	C	.	.	A	.
OQ460330.1	-	.	.	.	.	.	C	C	T	.	.
OQ460331.1	-	.	.	.	.	.	C	C	T	.	.
OQ460335.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460336.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460337.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460335.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460369.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460377.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460391.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460392.1	-	.	.	.	.	.	C	C	T	.	.
OQ460397.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460401.1	-	.	.	.	.	.	C	C	T	.	.
OQ460408.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460425.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460447.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460453.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.

OQ460471.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460475.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460476.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OQ460478.1	-	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
MK499429.1	C	.	T	.	A	.	C	.	T	A	.
gb MK499432.1	C	T	T	.	A	.	C	.	T	A	.
MK499433.1	C	.	T	.	A	.	C	.	T	A	.
EF529451.1	-	-	.	.	.	.	C	.	T	.	C
FJ556569.1	C	.	.	.	.	.	C	.	T	.	.
OK181421.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181423.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181425.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181426.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181427.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181430.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181431.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
OK181432.1	C	T	T	A	-	-	-	-	-	-	-
gb GQ154521.1	-	-	.	.	.	.	C	.	T	.	-

Catatan: *Inseri

Beberapa transisi pada sampel *Bubalus bubalis* adalah C→T. Menurut Coulondre dalam Primandiri (2021), Frekuensi transisi C→T yang tinggi dapat disebabkan oleh metilasi nukleotida. Secara historis, metilasi DNA ditemukan pada mamalia sejak DNA diidentifikasi sebagai materi genetik. Metilasi DNA merupakan mekanisme epigenetik yang melibatkan pemindahan gugus metil ke posisi C5 sitosin untuk membentuk 5-metilsitosin (5mC). Selanjutnya, gugus amina dari 5mC di deaminasi oleh AID/APOBEC mengubah 5mC menjadi timin (Moore, 2013). Deaminasi sitosin termetilasi dapat menyebabkan tingkat transisi yang sangat tinggi di beberapa tempat. Metilasi DNA sitosin penting dalam mempengaruhi transkripsi gen yang menyebabkan adanya keragaman spesies *B. bubalis* yang ada di Asia Tenggara.

SIMPULAN

Hasil inventarisasi sekuens gen *Cytochrome b* (*cyt b*) *Bubalus bubalis* dari laman NCBI GenBank mengidentifikasi total 14 sekuens di Asia Tenggara. Sekuens dari Indonesia (3 sampel, isolat Yg2 dan Md) seragam dengan panjang 906 bp. Koleksi Thailand (10 sampel) menunjukkan panjang bervariasi antara 359 bp hingga 1117 bp, sedangkan Vietnam (1 sampel) 560 bp.

Perbedaan panjang gen dan variasi sekuens antar lokasi ini disebabkan oleh pola perubahan nukleotida. Pola substitusi yang teridentifikasi mencakup transisi (C→T, T→C, G→A) dan transversi (A→T, T→A, C→A, A→C), serta adanya peristiwa insersi sitosin pada beberapa sampel. Variasi pada tingkat sekuens dan panjang gen ini secara langsung mempengaruhi tingkat keragaman genetik pada populasi kerbau di Asia Tenggara.

UCAPAN TERIMA KASIH

Kami mengucapkan syukur kepada Tuhan Yang Maha Esa atas kelancaran pelaksanaan proyek ini. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada dosen pengampu mata kuliah Biokomputasi, Dr. Agus Muji Santoso, S.Pd., M.Si., atas bimbingan akademik yang telah diberikan sehingga kami memperoleh pemahaman terhadap materi yang sebelumnya belum dikuasai.

Apresiasi turut disampaikan kepada seluruh pihak yang berkontribusi dalam penyelenggaraan seminar nasional ini.

DAFTAR RUJUKAN

- Kumar, S., Nagarajan, M., Sandhu, J. S., Kumar, N., Behl, V., & Nishanth, G. (2007). Mitochondrial DNA analyses of Indian water buffalo support a distinct genetic origin of river and swamp buffalo. *Anim. Genet.* 38:227–232. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01602.x>
- Mastrochirico-Filho, V. A., Pazo, F., Del Hata, M. E., Villanova, G. V., Foresti, F., Vera, M., Martinez, P., Porto-Foresti, F., & Hashimoto, D. T. (2019). Assessing genetic diversity for a pre-breeding program in *Piaractus mesopotamicus* by snps and ssrs. *Genes.* 10:668. <https://doi.org/10.3390/genes1009066>
- Moore, L., Le, T. & Fan, G. (2013). DNA Methylation and Its Basic Function. *Neuropsychopharmacol* 38, 23–38. <https://doi.org/10.1038/npp.2012.112>
- Paraguas, A. M., Cailipan, T. P. C., Flores, E. B., & Villamor, L. P. (2018). Morphology and phylogeny of swamp buffaloes (*Bubalus bubalis*) in Calayan Island, Cagayan. *Philipp. J. Vet. Anim. Sci.* 44:59-67.
- Primandiri, P. R., Amin, M., Zubaidah, S., & Santoso, A. M. (2021, May). Sequences of Trypsin Inhibitor Gene on *Jatropha curcas* L. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 743, No. 1, p. 012076). IOP Publishing.
- Saputra, F., Jakaria, & Sumantri, C. (2013). Genetic variation of mtDNA cytochrome oxidase subunit I (COI) in local swamp buffaloes in Indonesia. *Med. Pet.* 36:165–170. <https://doi.org/10.5398/medpet.2013.36.3.165>
- Triesita, N. I. P., Masrurroh, I. H, Sulistiono, Amin, M., & Santoso, A. M. (2018, September). Profil Gen cyt b Genus *Rana* Pada Genbank. *Prosiding Seminar Nasional Pendidikan dan Pembelajaran* (vol 2. 757-761).
- Yuliani, D. H., Kholifah, S. N., & Prihantini, R. (2021). The origin and domestication of Indonesian buffalo: A review. *Jurnal Ilmu Ternak*, 21(2), 114-122.
- Tobe, S. S., Kuntjoro, J., & Poerwanto, B. (2010). Comparison of mitochondrial Cytochrome *b* and Cytochrome Oxidase I genes as molecular markers for identifying *Anopheles* mosquitoes (Diptera: Culicidae) in Lampung, Indonesia. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 2(4), 22-26.
- Konishi, A., Muto, N., Hirano, T., Ohsugi, T., Watanabe, N., & Oikawa, M. (2019). Development of universal primers for identifying *Plasmodium* species in wild birds by PCR-RFLP analysis of mitochondrial cytochrome *b* gene. *Parasitology Research*, 118(1), 373-380.
- Goyal, R., Kumar, S., Gupta, N., Gupta, S. C., & Singh, R. K. (2017). Genetic diversity and relationship among Indian buffalo breeds based on microsatellite markers. *Journal of Genetics*, 96(3), 475-481.
- Hariyadi, M., Arief, I. I., & Budiman, B. A. (2022). The role of Indonesian swamp buffalo in supporting food security: A mini-review. *Veterinary World*, 15(1), 195-201.
- Edea, Z., Assefa, D., & Ayalew, S. (2018). Review on genetic diversity and conservation of indigenous livestock in Ethiopia. *Journal of Animal Research*, 8(3), 391-401.
- Borghese, A. (2017). Buffalo production and research. CAB International.