

**KAJIAN GEN *SET* SAPI (*Bos taurus*) DAN BABI (*Sus scrofa*) SEBAGAI MARKA GENETIK UNTUK  
DETEKSI KEHALALAN**

**SKRIPSI**

Untuk memenuhi sebagian persyaratan  
mencapai derajat Sarjana S-1 Program Studi Biologi



disusun oleh:

Fatimah Mustafawi Muhammadi  
13640043

STATE ISLAMIC UNIVERSITY  
SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA

**PROGRAM STUDI BIOLOGI  
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI  
UIN SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA  
2017**



## **SURAT PERSETUJUAN SKRIPSI/TUGAS AKHIR**

Hal :

Lamp :

Kepada

Yth. Dekan Fakultas Sains dan Teknologi

UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta

di Yogyakarta

*Assalamu'alaikum wr. wb.*

Setelah membaca, meneliti, memberikan petunjuk dan mengoreksi serta mengadakan perbaikan seperlunya, maka kami selaku pembimbing berpendapat bahwa skripsi Saudara:

Nama : Fatimah Mustafawi Muhammadi  
NIM : 13640043  
Judul Skripsi : Kajian Gen *SET* Sapi (*Bos taurus*) dan Babi (*Sus scrofa*) sebagai  
Marka Genetik untuk Deteksi Kehalalan

sudah dapat diajukan kembali kepada Program Studi Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Strata Satu dalam Program Studi Biologi.

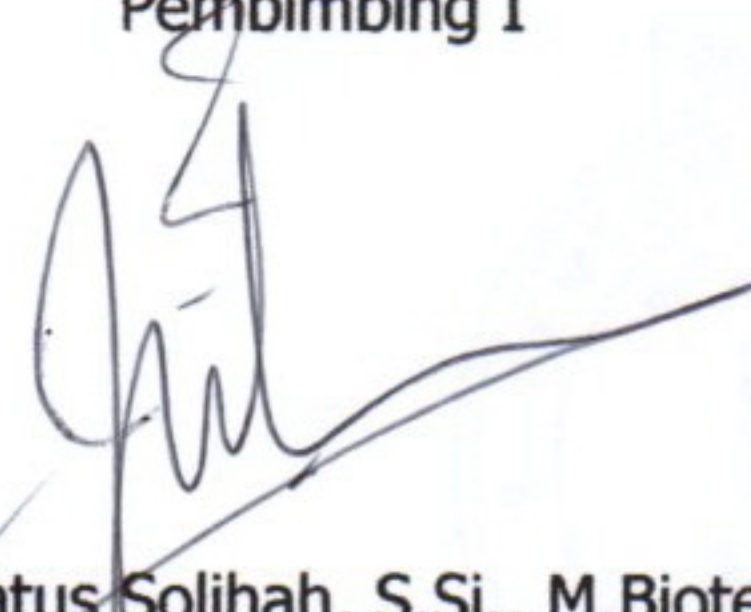
Dengan ini kami mengharap agar skripsi/tugas akhir Saudara tersebut di atas dapat segera dimunaqsyahkan. Atas perhatiannya kami ucapkan terima kasih.

*Wassalamu'alaikum wr. wb.*

Yogyakarta, 15 Mei 2017

Pembimbing II

Pembimbing I

  
Jumailatus Solihah, S.Si., M.Biotech.

NIP. 19760624 200501 2 007

  
Anti Damayanti H., S.Si., M.MolBio.

NIP. 19810522 200604 2 005





Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga

FM-UINSK-BM-05-07/R0

**PENGESAHAN SKRIPSI/TUGAS AKHIR**

Nomor : B-1948/Un.02/D.ST/PP.05.3/06/2016

Skripsi/Tugas Akhir dengan judul : Kajian Gen *SET* Sapi (*Bos taurus*) dan Babi (*Sus scrofa*) sebagai Marka Genetik untuk Deteksi Kehalalan

Yang dipersiapkan dan disusun oleh :

Nama : Fatimah Mustafawi Muhammadi

NIM : 13640043

Telah dimunaqasyahkan pada : 29 Mei 2017

Nilai Munaqasyah : A

Dan dinyatakan telah diterima oleh Fakultas Sains dan Teknologi UIN Sunan Kalijaga

**TIM MUNAQASYAH :**

Ketua Sidang

Jumailatus Solihah, S.Si., M.Biotech  
NIP.19760624 200501 2 007

Penguji I

Anti Damayanti H., S.Si, M.MolBio  
NIP.19810522 200604 2 005

Penguji II

Dr. Isma Kurniatanty, S.Si., M.Si.  
NIP. 19791026 200604 2 002

Yogyakarta, 6 Juni 2017

UIN Sunan Kalijaga

Fakultas Sains dan Teknologi

Dekan



Dr. Murtono, M.Si  
NIP.19691212 200003 1 001



## PERNYATAAN BEBAS PLAGIARISME

Yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Fatimah Mustafawi Muhammadi  
NIM : 13640043  
Prodi : Biologi

Menyatakan bahwa skripsi yang saya susun, sebagai syarat memperoleh gelar sarjana merupakan hasil karya tulis saya sendiri. Adapun bagian-bagian tertentu dalam penulisan skripsi ini yang saya kutip dari hasil karya orang lain telah dituliskan sumbernya secara jelas sesuai dengan norma, kaidah, dan etika penulisan ilmiah. Saya bersedia menerima sanksi pencabutan gelar akademik yang saya peroleh dan sanksi-sanksi lainnya sesuai dengan peraturan yang berlaku, apabila di kemudian hari ditemukan adanya plagiat dalam skripsi ini.

Yogyakarta, 10 Mei 2017



Fatimah Mustafawi Muhammadi  
NIM. 13640043

## KATA PENGANTAR

Segala puji bagi Allah atas nikmat-Nya yang tiada tara sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhir sebagai salah satu syarat untuk memenuhi jenjang sarjana S-1 pada program studi Biologi. Judul yang penulis ajukan adalah “Kajian Gen *SET* Sapi (*Bos taurus*) dan Babi (*Sus scrofa*) sebagai Marka Genetik untuk Deteksi Kehalalan”. Shalawat serta salam semoga selalu tercurah kepada nabi penutup para nabi, Muhammad SAW, beserta keluarga, dan sahabat-sahabat beliau yang setia.

Penyusunan dan penulisan skripsi ini tak lepas dari bantuan dari berbagai pihak. Oleh karena itu dalam tulisan ini penulis hendak menyampaikan rasa terima kasih yang sebesar-besarnya kepada yang terhormat:

1. Bapak Dr. Murtono, M.Si. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Sunan Kalijaga yang telah menyediakan fasilitas demi kelancaran penulis dan seluruh mahasiswa Fakultas Sains dan Teknologi selama menjalani studi di almamater tercinta.
2. Ibu Erny Qurotul Ainy, M.Si. selaku Ketua Program Studi Biologi yang telah memberikan izin bagi penulis untuk melaksanakan penelitian.
3. Ibu Siti Aisah, M.Si. selaku Dosen Pembimbing Akademik yang telah memberikan nasihat dan semangat untuk menyelesaikan studi tepat waktu.
4. Ibu Jumailatus Solihah, M.Biotech. dan Ibu Anti Damayanti H., M.MolBio. selaku dosen pembimbing yang telah banyak memberikan arahan, bimbingan,



serta masukan-masukan yang berharga bagi penulis sehingga penulis tidak pernah patah semangat dalam menyelesaikan penelitian ini.

5. Mbak Ethik Susiawati P., S.Si. dan Mbak Anif Yuni Muallifah, S.Pd.I. yang telah memberikan arahan dalam melakukan penelitian.
6. Seluruh dosen UIN Sunan Kalijaga yang telah banyak berkontribusi secara langsung maupun tidak langsung dalam proses pembelajaran penulis.
7. Sahabat, teman-teman seperjuangan, teman debat dan diskusi, yang menjadi saksi penulis baik di masa sulit maupun bahagia. Terima kasih atas kebersamaan yang tak ternilai.

Semoga karya tulis ini dapat memberikan manfaat khususnya bagi teman-teman yang menjadikan tulisan ini sebagai salah satu sumber inspirasi. Akhir kata, “bulan mengambang bintang berkelipan. Pungguk menangis rindukan teman. Andai menyinggung tersilap perlakuan. Ku mohon maaf darimu Tuan” (Anonim, n.d).

STATE ISLAMIC UNIVERSITY  
SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA

Yogyakarta, 27 April 2017



**Fatimah Mustafawi Muhammadi**  
**NIM: 13640043**



## MOTTO

بِسْمِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

قُلْ يَا عِبَادِيَ الَّذِينَ أَسْرَفُوا عَلَىٰ أَنْفُسِهِمْ لَا تَقْنَطُوا مِن رَّحْمَةِ اللَّهِ إِنَّ اللَّهَ يَغْفِرُ الذُّنُوبَ جَمِيعًا إِنَّهُ هُوَ  
الْعَفُورُ الرَّحِيمُ

[Az-Zumar (39) : 53]

(Tujuan pendidikan kini hanyalah untuk menghasilkan ahli yang cakap di bidang tertentu, dan kita lalai mendidik ahli untuk menjadikannya lebih bijaksana) kini yang kita ingat hanyalah bagaimana cara berbuat ("know how") dan melupakan alasan mengapa kita berbuat ("know why").

~Louis O. Kattsoff~

STATE ISLAMIC UNIVERSITY  
SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA

## PERSEMBAHAN

Untuk Ibu dan Bapakku tercinta

Terima kasih untuk sejuta mimpi, doa, kesabaran, peluh, air mata...

Terima kasih untuk senandungmu:

“Belajar di waktu kecil bagai mengukir di atas batu,  
belajar di waktu dewasa laksana mengukir di atas air.”





## DAFTAR ISI

|                                        |             |
|----------------------------------------|-------------|
| <b>HALAMAN JUDUL .....</b>             | <b>i</b>    |
| <b>SURAT PERSETUJUAN SKRIPSI .....</b> | <b>ii</b>   |
| <b>HALAMAN PENGESAHAN .....</b>        | <b>iii</b>  |
| <b>PERNYATAAN KEASLIAN .....</b>       | <b>iv</b>   |
| <b>KATA PENGANTAR .....</b>            | <b>v</b>    |
| <b>HALAMAN MOTTO .....</b>             | <b>vii</b>  |
| <b>HALAMAN PERSEMBAHAN .....</b>       | <b>viii</b> |
| <b>DAFTAR ISI .....</b>                | <b>ix</b>   |
| <b>DAFTAR TABEL .....</b>              | <b>xii</b>  |
| <b>DAFTAR GAMBAR .....</b>             | <b>xiii</b> |
| <b>DAFTAR LAMPIRAN .....</b>           | <b>xiv</b>  |
| <b>ABSTRAK .....</b>                   | <b>xv</b>   |
| <b>BAB I PENDAHULUAN</b>               |             |
| A. Latar Belakang .....                | 1           |
| B. Rumusan Masalah .....               | 4           |
| C. Tujuan .....                        | 5           |
| D. Manfaat .....                       | 5           |
| <b>BAB II TINJAUAN PUSTAKA</b>         |             |
| A. Metode Deteksi Kehalalan .....      | 6           |
| 1. Metode mikroskopik .....            | 6           |



|                                                   |    |
|---------------------------------------------------|----|
| 2. Metode berbasis lipid.....                     | 6  |
| 3. Metode analisis kandungan senyawa volatil..... | 6  |
| 4. Metode berbasis protein.....                   | 9  |
| 5. Metode berbasis DNA.....                       | 11 |
| B. PCR.....                                       | 14 |
| C. Gen <i>SET</i> .....                           | 18 |
| <b>BAB III METODE PENELITIAN</b>                  |    |
| A. Waktu dan Lokasi Penelitian .....              | 21 |
| B. Alat dan Bahan.....                            | 21 |
| C. Prosedur Kerja                                 |    |
| 1. Desain Primer.....                             | 21 |
| 2. Isolasi DNA.....                               | 22 |
| 3. Amplifikasi PCR .....                          | 23 |
| 4. Elektroforesis .....                           | 24 |
| D. Analisis Data .....                            | 24 |
| <b>BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN</b>                |    |
| A. Desain dan Seleksi Primer .....                | 25 |
| B. Amplifikasi Gen Parsial <i>SET</i> .....       | 27 |
| <b>BAB V PENUTUP</b>                              |    |
| A. Kesimpulan .....                               | 32 |
| B. Saran.....                                     | 32 |



|                             |           |
|-----------------------------|-----------|
| <b>DAFTAR PUSTAKA .....</b> | <b>34</b> |
| <b>LAMPIRAN .....</b>       | <b>39</b> |





## DAFTAR TABEL

Tabel 1. Jumlah DNA yang Dibutuhkan untuk Satu Kali Reaksi

PCR Berdasarkan Sumber DNA ..... 16

Tabel 2. Komposisi Buffer Ekstraksi (4 mL) ..... 22

Tabel 3. Komponen Reaksi PCR ..... 23

Tabel 4. Pengaturan Thermocycler ..... 24

Tabel 5. Hasil Desain Primer ..... 26

STATE ISLAMIC UNIVERSITY  
SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA

## DAFTAR GAMBAR

|                                                                                                                                    |    |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Gambar 1. Peta kromosom gen <i>SET Bos taurus</i> (a) dan <i>Sus scrofa</i> (b).....                                               | 20 |
| Gambar 2. Hasil elektroforesis amplifikasi gen parsial <i>SET</i> sapi ( <i>B. taurus</i> )<br>dan babi ( <i>S. scrofa</i> ) ..... | 27 |



## DAFTAR LAMPIRAN

|                                                                                                                                      |    |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Lampiran 1. Hasil <i>Alignment</i> Gen <i>SET</i> Sapi ( <i>Bos taurus</i> ) dan Babi ( <i>Sus scrofa</i> )<br>pada Area Target..... | 39 |
| Lampiran 2. <i>In Silico</i> PCR Gen <i>SET</i> .....                                                                                | 42 |
| Lampiran 3. Nilai Kualitas dan Konsentrasi Isolasi DNA.....                                                                          | 47 |
| Lampiran 4. Profil Kualitas Isolasi DNA.....                                                                                         | 48 |
| Lampiran 5. Lembar Spesifikasi Primer .....                                                                                          | 49 |

## **Kajian Gen *SET* Sapi (*Bos taurus*) dan Babi (*Sus scrofa*) sebagai Marka Genetik untuk Deteksi Kehalalan**

Fatimah Mustafawi Muhammadi  
13640043

### **Abstrak**

Produk pangan berbahan daging yang tercampur babi seperti bakso, dendeng, dan produk olahan daging lainnya yang banyak beredar menyulitkan masyarakat dalam membedakan bahan pangan halal. Oleh karena itu, diperlukan metode deteksi keberadaan babi dalam produk pangan. Tujuan dari penelitian ini adalah mengetahui potensi gen *SET* sebagai marka genetik yang membedakan daging sapi dan babi berdasarkan perbedaan ukuran amplicon. Penelitian ini menggunakan metode berbasis PCR dengan sumber sekuens gen *SET* pada sapi (*Bos taurus*) dan babi (*Sus scrofa*). Deteksi keberadaan sapi dan babi dilakukan dengan menggunakan primer 1, 2, dan 3 yang didesain dari sekuens gen *SET* parsial. Visualisasi DNA menunjukkan adanya amplifikasi terhadap sekuens gen parsial *SET* menggunakan pasangan primer 2 dan 3 sedangkan pasangan primer 1 tidak terjadi amplifikasi. Pasangan primer 2 menghasilkan amplicon dengan ukuran 1231 bp pada sapi dan 1275 bp pada babi, sedangkan pasangan primer 3 menghasilkan amplicon sebesar 1068 bp pada sapi dan 1222 bp pada babi. Amplicon yang dihasilkan oleh primer 2 dan 3 yang menarget sekuens gen *SET* dengan demikian berpotensi sebagai marker genetik bagi sapi dan babi untuk deteksi kehalalan.

Kata Kunci: *Bos taurus*, deteksi kehalalan, gen *SET*, metode PCR, *Sus scrofa*.



# **BAB I**

## **PENDAHULUAN**

### **A. Latar Belakang**

Mayoritas penduduk di Indonesia beragama Islam. Menurut Badan Pusat Statistik (2010), jumlah penduduk muslim di Indonesia mencapai 87,18%. Tingginya jumlah penduduk muslim diikuti oleh tingginya kebutuhan terhadap bahan pangan halal. Banyak beredar produk pangan yang memakai bahan yang berasal dari hewan yang tidak halal. Contohnya bakso terbuat dari daging babi, dendeng babi, dan produk olahan daging lainnya. Bahan-bahan tersebut telah tercampur sehingga cukup sulit untuk dibedakan. Hal ini menyulitkan masyarakat dalam membedakan bahan pangan halal khususnya yang terbuat dari bahan daging. Masyarakat sebagai konsumen merasa khawatir jika ternyata produk tersebut justru terbuat dari daging babi atau campuran antara keduanya sebagaimana sebuah kasus di Jakarta Selatan. Berdasarkan putusan Pengadilan Negeri Jakarta Selatan Nomor 295/Pid.Sus/2013/PN.Jkt.Sel tanggal 17 April 2013 bahwa seorang pria berinisial EP ditahan atas barang bukti berupa 50 kg daging babi, 15 kg daging giling yang mengandung babi, dan 27 kg daging sapi sebagai bahan tambahan pembuatan bakso. Penangkapan EP ini berawal dari pengaduan masyarakat ke Dinas Peternakan dan Perikanan Jakarta Selatan mengenai dugaan adanya peredaran daging sapi yang dicampur dengan daging babi untuk diolah menjadi bakso dari pasar Cipete Kebayoran Baru Jakarta Selatan. Setelah dilakukan pengecekan sampel daging giling

dan daging olahan bakso dari kios terdakwa EP ke Laboratorium Kesehatan Masyarakat Veteriner (KESMAVET) yang beralamat di Bambu Apus Jakarta Timur, diperoleh hasil positif mengandung babi.

Terdapat berbagai metode yang bisa digunakan untuk deteksi kehalalan bahan pangan dengan mengidentifikasi spesies dari suatu produk daging antara lain analisis sensori, perbedaan anatomi, histologi rambut yang terdapat pada daging, bagian-bagian jaringan lemak, dan tingkat glikogen pada jaringan otot. Metode-metode ini dilaporkan memiliki akurasi yang rendah. Metode lain yang dapat digunakan ialah identifikasi secara molekuler berbasis DNA. Komponen utama dalam deteksi ini ialah marka DNA. Metode deteksi berbasis DNA ini memiliki keunggulan di antaranya cepat, sensitivitas dan akurasi tinggi, serta dapat diperbanyak karena telah memiliki sistem yang terotomatisasi dan sedikit campur tangan manusia. Peneliti dapat menganalisis sampel dalam jumlah besar dengan waktu yang singkat dengan sistem yang terotomatisasi (Saha *et al.*, 1999).

Marka DNA merupakan variasi sekuens nukleotida yang dapat muncul akibat mutasi atau perubahan kondisi pada lokus suatu genom. Variasi ini dapat digunakan untuk membedakan keanekaragaman antar maupun intra spesies (Scarano & Rao, 2014). Marka genetik dapat berupa sekuens DNA berukuran pendek seperti SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) maupun berukuran panjang seperti mikrosatelit (Al-Samarai & Al-Kazaz, 2015).

Analisis marka DNA telah digunakan dalam berbagai aplikasi, salah satunya mendeteksi adanya cemaran DNA organisme tertentu dalam produk daging sehingga



dapat diketahui halal tidaknya produk tersebut (LIPI, 2015). Menurut Scarano dan Rao (2014), metode deteksi secara molekuler yang biasa digunakan pada produk daging khususnya sapi ialah DNA-*barcoding*, sedangkan untuk babi ialah SNP. Metode deteksi untuk daging lainnya yang umum digunakan antara lain RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), dan SSR (*Simple Sequence Repeat*). Metode RAPD dan SSR tergolong proses yang mahal, hasilnya sulit diinterpretasi (Kumari & Thakur, 2014), dan hasil uji tidak selalu konsisten ketika dilakukan pengujian ulang. Oleh karena itu, diperlukan metode lain yang lebih sederhana dan hemat biaya tanpa mengabaikan akurasi hasil yang diharapkan. Penggunaan sekuens gen utuh ataupun parsial merupakan cara yang lebih sederhana. Gen dapat dipergunakan sebagai marka genetik untuk deteksi pada sapi dan babi yaitu menggunakan primer yang sama untuk menghasilkan varian amplikon dengan dua cara. Varian pertama, berdasarkan ada tidaknya sekuens setelah diuji PCR dan varian kedua berdasarkan ukuran amplikon yang berbeda pada organisme yang berbeda.

Pada penelitian ini, gen yang digunakan sebagai kandidat marka genetik adalah proto-onkogen yang bersifat ortholog. Gen-gen ortholog dapat dipahami sebagai sekuens homolog pada organisme yang berbeda (Pearson, 2013) sehingga sekuens tersebut dapat dijadikan sebagai marka bagi organisme-organisme yang homolog pada area gen tersebut. Gen-gen juga memiliki area yang *variable* sehingga dapat dijadikan sebagai pembeda antar spesies. Berdasarkan studi pendahuluan yang dilakukan Muhammadi (2016, tidak dipublikasikan), terdapat 5 proto-onkogen ortholog yang memenuhi syarat untuk dijadikan sebagai marka genetik yaitu, *JUN*,

*JUNB*, *SET*, *PIM2*, dan *PIM3*. Pada studi pendahuluan tersebut, disyaratkan gen yang berpotensi untuk dijadikan sebagai marka genetik memiliki panjang antara 500-10.000 bp. Setelah dilakukan *alignment* antara gen-gen tersebut satu per satu pada sapi dan babi, diperoleh gen *SET* yang paling memungkinkan untuk dijadikan sebagai marka genetik. Hal ini disimpulkan berdasarkan besar area *conserved* dan *non-conserved*. Gen *SET* dipilih sebagai gen yang akan dikaji sebagai upaya *screening* marka genetik yang paling efisien dan akurat untuk deteksi kehalalan.

Desain primer dilakukan pada area *conserved*. Sekuens pada area *non-conserved* gen *SET* dengan ukuran yang berbeda pada sapi (*B. taurus*) dan babi (*S. scrofa*) digunakan sebagai sekuens pembeda. Oleh karena itu, gen *SET* dapat dijadikan sebagai marka genetik untuk deteksi kehalalan untuk menghasilkan ukuran amplikon yang berbeda pada sapi dan babi setelah diuji dengan PCR. Metode deteksi berdasarkan ukuran ini tidak memerlukan proses *sequencing* sehingga dapat menghemat biaya.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah disampaikan sebelumnya, rumusan masalah yang diajukan pada penelitian ini ialah bagaimana potensi gen *SET* sebagai marka genetik yang membedakan antara sapi dan babi berdasarkan perbedaan ukuran amplikon?



### **C. Tujuan**

Tujuan dari penelitian ini ialah untuk mengetahui potensi gen *SET* sebagai marka genetik yang membedakan antara sapi dan babi berdasarkan perbedaan ukuran amplikon.

### **D. Manfaat**

Manfaat dari penelitian ini ialah hasil penelitian berupa desain primer gen *SET* dapat dimanfaatkan sebagai sarana untuk mendeteksi keberadaan babi pada produk olahan daging.

## **BAB V**

### **PENUTUP**

#### **A. Kesimpulan**

Gen *SET* parsial sapi (*Bos taurus*) dan babi (*Sus scrofa*) berpotensi digunakan sebagai marka untuk membedakan kedua spesies tersebut sehingga gen ini dapat digunakan dalam deteksi kehalalan. Pasangan primer 2 maupun 3 dapat digunakan untuk mendeteksi keberadaan dan membedakan antara kedua spesies berdasarkan perbedaan ukuran ampikon yang dihasilkan setelah uji PCR. Pasangan primer 2 dengan urutan sekuens nukleotida 5'- GTA CAA AAT GAA ATA GAC AGG TAA AG -3' (*forward*) dan 5'- ACT TAC AAA ATC TAT TCT GTA ACC TG -3' (*reverse*) dapat menghasilkan ampikon sepanjang 1231 pada sapi (*B. taurus*) dan 1275 bp pada babi (*S. scrofa*). Sementara pasangan primer 3 dengan urutan sekuens nukleotida 5'- CAA AGA ATT TCA TCT GAA TGA G -3' (*forward*) dan 5'- CAA ATC TTT TTA CCT CTC CTT C -3' (*reverse*) dapat menghasilkan ampikon sepanjang 1068 bp pada sapi (*B. taurus*) dan 1222 bp pada babi (*S. scrofa*).

#### **B. Saran**

Penelitian ini baru sebatas pembuktian bahwa sekuens gen *SET* dapat dijadikan sebagai marka genetik untuk mendeteksi keberadaan dan membedakan antara *B. taurus* dan *S. scrofa* dari jaringan hewan yang belum diolah. Oleh karena itu, perlu dilakukan penelitian lanjutan dengan optimasi dari berbagai segi melalui pengujian terhadap produk pangan yang telah melalui proses pengolahan sehingga primer

tersebut dapat diterapkan untuk menguji kehalalan produk-produk olahan pangan tersebut.





## DAFTAR PUSTAKA

- Abbas, O., Fernández, P. J., Boix, A., von Holst, C., Dardenne, P., & Baeten, V. 2010. Key parameters for the development of a NIR microscopic method for the quantification of processed by products of animal origin in compound feedingstuffs. *Anal Bioanal Chem*, 397(5), 1965-1973
- Abd-Elsalam, K. A. 2003. Bioinformatic tools and guideline for PCR primer design. *African Journal of Biotechnology*, 2(5), 91-95
- Addis, M. F., Cappuccinelli, R., Tedde, V., Pagnozzi, D., Porcu, M. C., Bonaglini, E., Roggio, T., & Uzzau, S. 2010. Proteomic analysis of muscle tissue from gilthead sea bream (*Sparus aurata*, L.) farmed in offshore floating cages. *Aquaculture*, 309(1-4), 245-252
- Ali, M. E., Kashif, M., Uddin, K., Hashim, U., Mustafa, S., & Man, Y. B. C. 2012. Species Authentication Methods in Foods and Feeds: the Past, Present, and Future Halal Forensics. *Food Anal. Method*, 2012(5), 935-955
- Al-Samarai, F. R. & Al-Kazaz, A. 2015. Molecular Markers: an Introduction and Applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*, 9(3), 118-130
- Anderson, M. W., Reynolds, S. H., You, M., & Maronpot, R. M. 1992. Role of Proto-oncogene Activation in Carcinogenesis. *Environmental Health Perspectives*, 98, 13-24
- Aristoy, M. C., Soler, C., & Toldrá, F. 2004. Histidine dipetides HPLC-based test for the detection of mammalian origin proteins in feeds for ruminants. *Meat Sci*, 67(2), 211-217
- Asensio, L., González, I., Garcia, T., & Martin, R. 2008. Determination of food authenticity by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). *Food Control*, 19(1), 1-8
- Badan Pusat Statistik. 2010. *Sensus Penduduk 2010*. Diakses dari <http://sp2010.bps.go.id/> pada tanggal 16 Februari 2016

- Balasubramanian, S. & Panigrahi, S. 2011. Solid-phase microextraction (SPME) techniques for quality characterization of food products: a review. *Bioprocess Technol.* doi:10.1007/s11974-009-0299-3
- Balitz, G., Weise, C., Rozycki, C., Opialla, T., Sawada, S., Zagon, J., & Lampen, A. 2011. Determination of osteocalcin in meat and bone meal of bovine and porcine origin using matrix-assisted laser desorption ionization/time-of-flight mass spectrometry and high-resolution hybrid mass spectrometry. *Anal Chim Acta*, 693(1-2), 366-370
- Beresford, P. J., Oh, D. Y., Fan, Z., Greer, L., Russo, M. I., Jaju, M., & Lieberman, J. 2001. Granzyme A activates an endoplasmic reticulum-associated caspase-independent nuclease to induce single-stranded DNA nicks. *J Biol Chem*, 276, 43285-43293
- Bintang, M. 2010. *Biokimia: Teknik Penelitian*. Jakarta: Erlangga
- Bonwick, G. A. & Smith, C. J. 2002. Immunoassay: their history, development and current place in food science and technology. *Int J Food Sci Tech*, 39(8), 817-827
- Darling, J. & Blum, M. 2007. DNA-based methods for monitoring invasive species: a review and prospectus. *Biol Invasions*, 9(7), 751-765
- Fajardo, V., González, I., Rojas, M., Garcia, T., & Martin, R. 2010. A review of current PCR-based methodologies for the authentication of meats from game animal species. *Trend in Food Science and Technology*, 21(8), 408-421
- Fan, Z., Beresford, P. J., Oh, D. Y., Zhang, D., & Lieberman, J. 2003. Tumor suppressor NM23-H1 is a granzyme A-activated DNase during CTL-mediated apoptosis, and the nucleosome assembly protein SET is its inhibitor. *Cell*, 112, 659-672
- Hahn, H. 1999. Animal meal: production and determination in feedstuffs and the origin of bovine spongiform encephalopathy. *Naturwissenschaften*, 86(2), 62-70
- Hird, H., Chisholm, J., Sanchez, A., Hernandez, M., Goodier, R., Schneede, K., Boltz, C., & Popping, B. 2006. Effect of heat and pressure on DNA

fragmentation and implications for the detection of meat using a real-time polymerase chain reaction chain reaction. *Food Addit Contam*, 23(7), 645-650

<http://biocompute.bmi.ac.cn/CZlab/MFEprimer-2.0/>

<http://bioinfo.ut.ee/primer3-0.4.0/>

<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgPcr>

<http://simgene.com/Primer3>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>

Kataoka, H., Lord, H. L., & Pawliszyn, J. 2000. Application of solid-phase microextraction in food analysis. *Journal of Chromatography A*, 880(2000), 35-62

Köppel, R., Ruff, J., & Rentsch, J. 2011. Multiplex real-time PCR for the detection and quantification of DNA from beef, pork, chicken, turkey, horse meat, sheep (mutton) and goat. *Euro Food Res Technol*, 23(1), 125-133

Kumari, N. & Thakur, S. K. 2014. Randomly amplified polymorphic DNA-A brief review. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 9(1), 6-13

Li, M., Makkinje, A., & Damuni, Z. 1996. The myeloid leukemia-associated protein SET is a potent inhibitor of protein phosphatase 2A. *J Biol Chem*, 271, 11059-11062

Li, Y. & Zhao, Y. 1996. *Practical Protocols in Molecular Biology*. New York: Science Press Beijing

LIPI. 2015. *Deteksi Produk Rekayasa Genetika (PRG) dan Uji Kehalalan Pada Bahan Pangan dan Produk Olahannya*. Diakses dari <http://www.biotek.lipi.go.id> pada tanggal 12 Februari 2016

Liu, L., Chen, F-C., Dorsey, J. L., & Hsieh, Y-H. P. 2006. Sensitive monoclonal antibody-based sandwich ELISA for the detection of porcine skeletal muscle in meat and feed products. *J Food Sci*, 71(1), M1-M6



- Matsumoto, K., Okuwaki, M., Kawase, H., Handa, H., Hanaoka, F., & Nagata, K. 1995. Stimulation of DNA transcription by the replication factor from the adenovirus genome in a chromatin-like structure. *J Biol Chem*, 270, 9645-9650
- Matsunaga, T., Chikuni, K., Tanabe, R., Muroya, S., Shibata, K., Yamada, J., & Shinmura, Y. 1999. A quick and simple method for the identification of meat species and meat products by PCR assay. *Meat Science*, 51, 143-148
- Medidi, H., Sugali, N. N., Kotikalapudi, R., Patel, R. K., Undamatla, V. N. & Tadi, T. D. 2015. Standardization of common and simple protocol for DNA isolation from raw meat of various animal and bird species. *JCBPS*, 5(3), 2891-2895
- Mutalib, S. A., Nazri, W. S., Shahimi, S., Yaakob, N., Sani, N. A., Abdullah, A., *et al.* 2012. Comparison Between Pork and Wild Boar Meat (*Sus scrofa*) by Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP). *Sains Malaysiana*, 41(2), 199-204
- Nagata, K., Kawase, H., Handa, H., Yano, K., Yamasaki, M., Ishimi, Y., Okuda, A., Kikuchi, A., & Matsumoto, K. 1995. Replication factor encoded by putative oncogene, SET, associated with myeloid leukemogenesis. *Proc Natl Acad Sci*, 92, 4279-4283
- Nurjuliana, M., Che-Man, Y. B., & Mat-Hashim, D. 2011a. Analysis of lard's aroma by electronic nose for rapid halal authentication. *J Am Oil Chem Soc*, 88, 75-82
- Nurjuliana, M., Che-Man, Y. B., & Mat-Hashim, D. 2011b. Rapid identification of pork for halal authentication using the electronic nose and gas chromatography mass spectrometer with headspace analyzer. *Meat Sci*, 88(4), 638-644
- Pearson, W. R. 2013. An introduction to sequence similarity ("homology") searching. Dalam *Curr Protoc Bioinformatics*, 42, 3.1.1-3.1.8
- Putusan Pengadilan Negeri No. 295/Pid.Sus/2013/PN.Jkt.Sel tanggal 17 April 2013

- Qu, W. & Zhang, C. 2015. Selecting specific PCR primer. Dalam Chhandak Basu (Ed.), *Methods in Molecular Biology* (pp.201-213). New York, USA: Springer Science and Business Media
- Rojas, M., Gonzalez, I., Pavon, M. A., Pegels, N., Lago, A., Hernandez, P. E., Garcia, T., & Martin, R. 2010. Novel TaqMan real-time polymerase chain reaction assay for verifying the authenticity of meat and commercial meat products from game birds. *Food Addit Contam A*, 27(6), 749-763
- Saha, S., Tan, H., Karaca, M., & Jenkins, J. N. 1999. Gel Based DNA Marker Technologies in Cotton. *ICAC Recorder*, 8-13
- Scarano, D. & Rao, R. 2014. DNA Markers for Food Products Authentication. *Diversity*, 6, 579-596
- Seo, S. B., McNamara, P., Heo, S., turner, A., Lane, W. S., & Chakravarti, D. 2001. Regulation of histone acetylation and transcription by INHAT, a human cellular complex containing the set oncoprotein. *Cell*, 104, 119-130
- Stock, F., Edwards, C. J., Bollongino, R., Finlay, E. K., Burger, J., & Bardley, D. G. 2009. Cytochrome b sequences of ancient cattle and wild ox support phylogenetic complexity in the ancient and modern bovine populations. *Animal Genetics*
- Surzycky, S. 1999. *Basic Techniques in Molecular Biology*. Bloomington: Springer
- Szabó, A., FÉBel, H., SugÁ, R. L., & RamvÁRi, R. 2007. Fatty acid regiodistribution analysis of divergent animal triacylglycerol samples: a possible approach for species differentiation. *J Food Lipids*, 14(1), 62-77
- von Lindern, M., Breems, D., van Baal, S., Andriaansen, H., & Grosveld, G. 1992a. Characterization of the translocation breakpoint sequences of two DEK-CAN fusion genes present in t(6;9) acute myeloid leukemia and a SET-CAN fusion gene found in a case of acute undifferentiated leukemia. *Gene Chromosomes Cancer*, 5, 227-234
- von Lindern, M., van Baal, S., Wiegant, J., Raap, A., Hagemeijer, A., & Grosveld, G. 1992b. Can a putative oncogene associated with myeloid leukemogenesis,

may be activated by fusion of its 3' half to different genes: Characterization of the SET gene. *Mol Cell Biol*, 12, 3346-3355

Zilinskiene, J. 2012. *Product Information ThermoScientific DreamTaq Green PCR Master Mix (2X)*. California: Thermo Fisher Scientific Inc.





## LAMPIRAN

### Lampiran 1. Hasil *Alignment* Gen *SET* Sapi (*Bos taurus*) dan Babi (*Sus scrofa*) pada Area Target

Primer forward 2

```
gi|258513356:99223003-99227210      CAGAAAAAGAACAGCAAGAAGCAATTGAACATATTGATGAA 1
gi|347618793:303081846-303088281      CAGAAAAAGAACAGCAAGAAGCAATTGAACATATTGATGAA 2
*****

gi|258513356:99223003-99227210      GGTAAAGTTTCTCAGTTTACTTTGA--AGTTTCTGACCTGATTATGTTTGGTAAT 2
gi|347618793:303081846-303088281      GGTAAAGTTTCTCCTCAATTTACTTTGGAAAAGTTTCTGACCTTAGTAGGGTTGGTA--
*****

gi|258513356:99223003-99227210      CATTGAAACTATGGCCAAGTAAATCTGTATCTTTTGGCTAAGTGGAGATGACTATAACTG 3
gi|347618793:303081846-303088281      -ATTGAAACTATGGCCAATATATCTGTATGCACCTGGCTAAGTGAAGTAATTATAACTT
*****

gi|258513356:99223003-99227210      GGA-----AATATTAGGATTGAGTGTATTTTCTGTGATATATTT-GTAGGTCAC 4
gi|347618793:303081846-303088281      AGTTGGAATACTATGAGGATTGAGTGTATTTTCTCAGAAAT--GCTTGAAGTCAC
.:
*****

gi|258513356:99223003-99227210      CAAAAAGTTGGTAATGAAAGTACATTGACCTTGTATAAGATTGGGATTGCTTTCATAGG 5
gi|347618793:303081846-303088281      CAAAAAGTTTCTGA-----TTGACCTCT-GGAAAAATTTGTTTGTCTTGGTAGG
*****
*****

gi|258513356:99223003-99227210      GTGAGGA----ATTGTTGCAGTGTGTGGACTTCTGATAGTGTAGTATTTTAGCATTAGT 6
gi|347618793:303081846-303088281      TTACAACTGGCTAAGTTGCAGTGTGGCAACATATAACAGTTTAGCATTATGCTATTAGT
*...
.:*****
.:*****

gi|258513356:99223003-99227210      GTTGCTCTGACTTGCCTAATAACT--GTTACTTGATTGGCAGCTTTTTC----- 7
gi|347618793:303081846-303088281      GTTGCTCTGACTTGCCATACAACCTCGTTACTTGGTTGGCAGCTTTTGTGTTTTCTTC
*****
.:*****

gi|258513356:99223003-99227210      ---TTCTTGACAGAAACAGTTGAGGTTAGCCTAGTAATGCAGTTAGATAAAGTATTAAT 8
gi|347618793:303081846-303088281      ATTTGCCTGAGAGAA----AAAGATTGCCTGGTAATAAGAGTAAA-TAAATATACAGT
*
*****
.:*****

gi|258513356:99223003-99227210      GTTACCAAAATGCTGTTTGGCAGCTTTAAGAACTGTCAGTTACTGAGTGCCTGTTGGCAA 9
gi|347618793:303081846-303088281      GTTACCAAAATGCAAGTTGGGACACTTTAAGCA-TGTAGATTTTGTAGTGCCTACTGGTAA
*****
*****

gi|258513356:99223003-99227210      AGCTTATTAGATTGCCATCTCAATTTGAGTTGAGTCTCTGACTGCAAAAATTAGGTGA 10
gi|347618793:303081846-303088281      AGCATATCAAATTGCCATCTCAGTTT-----TGACTCTGGCTACAAAAATCTAGGTGA
***
*****

gi|258513356:99223003-99227210      TTTGGTTATTACATATAGGTACTTTGCATTGTTCTAAGGCTAACAGAGTCAATAATTTT 11
gi|347618793:303081846-303088281      TGTGGTTATTATAAATTTCATTGTTGTTGTAAGCTAATAAGATAAA-TACACT
*
*****

gi|258513356:99223003-99227210      AATCTCAGCCGTTTTTGTATTGTTAAGTACCATCGTTGGTCAGTGTGCTTTTCATTGG 12
gi|347618793:303081846-303088281      GTTATCAGCAGTTTTTGTATTGTTATGATACCATCATT-GTCAACATGTGTTTCATTGG
.:*****

gi|258513356:99223003-99227210      CTTCAGACTTAATGAACAAGCCAGTGAGGAGATTTTGAAGTAGAACAGAAATATAACAA 13
gi|347618793:303081846-303088281      CTTCAGACTTAATGAACAAGCCAGTGAGGAGATTTTGAAGTAGAACAGAAATATAACAA
*****

gi|258513356:99223003-99227210      ACTCCGCCAACCATTTTTTCAGAAGAGGTCAGAATTGATCGCCAAAATCCCAAAATT 14
gi|347618793:303081846-303088281      ACTCCGCCAACCATTTTTTCAGAAGAGGTCGGAATTGATCGCCAAAATCCCAAACTTTG
*****

gi|258513356:99223003-99227210      GGTAAACAACATTGCTTAACCA 15
gi|347618793:303081846-303088281      GGTAAACAACATTGCTTAACCA 16
*****

gi|258513356:99223003-99227210      TGGGATGTCACCTATTGTTGTAAGGGGAGGGATCTTGGTTGAGGACTTGATCCACATGTT 16
gi|347618793:303081846-303088281      TGGGATGTTCACTTGA--AGGGTGGAGGGACATTGGTTGAGAAATTGGTCCACATAT-
*****

gi|258513356:99223003-99227210      GGTACCTGCAGAGGTTGAA-----ACAGGAGAGGCTTG 17
gi|347618793:303081846-303088281      GGTATAAGCAGAGGTTGAACTAATCGGTGTGAGGGTTGAAATACTCAGTGTGAGGCTTG
*****

gi|258513356:99223003-99227210      CAATTAATGCCTTGTGTTTAGAAGAGCTCATATGCTAATGTACGGTTGTGTTAATACT 18
gi|347618793:303081846-303088281      GAATTAATGCAGTGTATTAGAAGAGATTGATTCTAAGTTGGATTCTGTTAATAACT
*****

gi|258513356:99223003-99227210      TG----AAGATGATGGTAGCTCTGACTCTGAGCCATTGGTTATTAGTAAAGTGGAT 19
```

Primer forward 1



```

gi|258513356:99223003-99227210      ATAAAGCCAGCAGGAAGAGACAGCATGAGGAACCAGAAAGCTTCTTCACCTGGTTTACTG 40
gi|347618793:303081846-303088281    ATAAAGCCAGCAGGAAGAGACAGCATGAGGAACCAGAGAGCTTCTTCACCTGGTTTACTG
*****

gi|258513356:99223003-99227210      ATCATTCTGATGCAGTGCAGATGAGTTAGGAGAGGTCATCAAAGATGATATTTGGCCAA 41
gi|347618793:303081846-303088281    ATCATTCTGATGCAGTGCAGATGAGTTAGGAGAGGTCATCAAAGATGATATTTGGCCAA
*****

gi|258513356:99223003-99227210      ATCCATTACAGTACTACTTGGTGAGTTGAGAATGTTCTTT-TATTCAAGGTTTACTTGT 42
gi|347618793:303081846-303088281    ATCCATTACAGTACTACTTGGTGAGTTGAGAACGTTCTTTTTTGCAGGTTACACTTGT
*****

gi|258513356:99223003-99227210      TCCATTGTTTGAAAGTGAGTTTGAAAGGTAACCTTCGATCTTGGTTTTCCCTAGGTTTC 43
gi|347618793:303081846-303088281    TGCATTGTTTGAAAAGGAGATCTCAAGGTAACCTTGGTT--GATTTTCTTAGGTTTC
*****

gi|258513356:99223003-99227210      CTGACATGGATGATGAGGAAGGGGAAGGAGAAGAGGATGACGACGACGACGAAGAGGAAG 44
gi|347618793:303081846-303088281    CTGACATGGATGATGAGGAAGGGGAAGGAGAAGAAGATGATGATGATGAAGAGGAAG
*****

gi|258513356:99223003-99227210      AAGGATTGGAAGACATTGATGAAGAAGGGGATGAGGATGAAGGTGAAGAAGATGAAGATG 45
gi|347618793:303081846-303088281    AAGGATTGGAAGATATTGATGAAGAAGGGGATGAGGATGAAGGTGAAGAAGATGAAGATG
*****

gi|258513356:99223003-99227210      ATGATGAGGGGGAGGAAGGAGAGGTAAAAAGATTGGTTAAATCCAAACAGATAAT---C 46
gi|347618793:303081846-303088281    ATGATGAGGGGGAGGAAGGAGAGGTAAAAAGATTGGTTAAATCCAGAAAGACAGTCTTC
*****

```

Primer reverse 3



## Lampiran 2. *In Silico* PCR Gen SET

### a. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 1 pada genom sapi (*B. taurus*)

(null)

>[chr11:99223806-99225105](#) 1300bp

Forward primer: CTGTCTCTTCCTGCTGGCTTTATTCT

Reverse primer: TTTTGGGTAACAACATTTGTTAACCA

CTGTCTCTTCCTGCTGGCTTTATTCTgtggttgacttgatcgtttcgtca  
aatcctaaatgaagacagaagaacttatgatacataggctctctatacct  
catctctacaacttaataaaagttttaacccaaaagcagagcaaaatctg  
gacattatatgatccacactattattccttatctgaaattataaaaagtac  
agttaataaagagaagaaccttaggattttaagtctgcaaagaatgctg  
tcaaatttgtagccaccttttcttgaaagttactgtctagatttggttt  
tttaatacatataaaaattagttctacttcaacaaccagtatcttgagaca  
gtataatttaaaatatttatgtttactacttaaatgcagacagaaatagg  
tcttcagaaacaaagccaccgatgtaaaattcaaaatgatttaagtccat  
gtctacaaaaacttgctccattatcttataagaccataagctattgtatt  
tggccttaacacaaatcttttttaaggatctgcatttaacacatcaccaa  
aataccaagtatttagtaaaatggttcaactaaatcaaaccatacaaaata  
ttaatgcccaagtcctcaaatacctttccagatttccatttgatttcagt  
ggactttgaagatggatcaccactctcattcagatgaaattctttggaga  
gaattttattttcgaagtaagggttttcatcaaaataactacaataaaca  
taagagaaatcagaagtcagtaaaaatagcccttctaagcaaagctcaagt  
taatttccatagtgacaaatgagttacagatacttacaanaatctattctg  
taacctgatttaaatgtcttcaaattctgtcacttcaactcttgtaaaata  
atgcagcgccctcttcacccctccccaagcagtgagacactagaccg  
caaggagaccaagtgtattatacaaacgtacaactcagcgatcccttttaa  
gactgccccaaatttggtttcataaatccactatttaactgaataaccaa  
ggctcagagtcagagctaccatcatcttcaagtaattaaacacaaccgta  
cattagcatatgagctcttctaaacacaaggcatttaattgcaagcctctc  
cctgtttcaacctctgcaggttaaccaacatgtgggatcaagtcctcaacc  
aagatccctccctttacaacaagtggacatcccatatccttcaataatg  
ccctgccatcacataccttggtgaTGGTTAACAAATGTTGTTACCCAAA

>[chr29:28137291-28137596](#) 306bp

CTGTCTCTTCCTGCTGGCTTTATTCTgtggttgacttgatcgtttcgtca  
aatcctttccagatttccatttgatttcagtggaactttgaagatggatca  
ccactctcattcagatgaaattctttggagagaattttattttcgaagta  
agggttttcatcaaaataaaaatctattctgtaacctgatttaaatgtctt  
caaattctgtcacttcaactcttgtaaaataatgcagcgccctcttcaccc  
tccctcccaagcagtgagacacttggtgaTGGTTAACAAATGTTGTTAC  
CCAAA

### b. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 1 pada genom babi (*S. scrofa*)

(null)

>[chr1:303082649-303084146](#) 1498bp

Forward primer: CTGTCTCTTCCTGCTGGCTTTATTCT

Reverse primer: TTTTGGGTAACAACATTTGTTAACCA

CTGTCTCTTCCTGCTGGCTTTATTCTgcgtttgacttgaacgtttttgtca  
aatcctaaatgaagacggacaacttttgatataggctctctatacctcaa  
gtccctataatttaacaataagggttctaaccctaaagcagagcaaaaaaa

tggacattagtagtatattacctacactgttattttcatattaagctataaaa  
 agtacaaccgggtcaaaaagagaagtcctaaaatttttaggtctacaaagaa  
 cattgtcaaactcgtatgacaagctttactaccacctagacctggcctttt  
 tgaagtaaaatttagttccggaggttcccgatggcgagcagaaacaaat  
 ccaactaagaaccacaaggtttcgggttcaatccctggcctcactcagt  
 gattaacgatgaggcaatgctgtgagcggtggtgtaggtagcagatgcag  
 cttgagatctggcgttgttgtggctctggcgtaggccaagtggcaagagct  
 gattagaaccctagcctgggaacctccatgtgccgtgagtgtggccta  
 aaagagcaaagatcaaaaaaagttaaatttagttctacttcaacaaccagt  
 tatcttaaacacagtataatttagacctctgagctactgtatttgggttt  
 taacacaatggagctttttacattttaaggatctacatttaacacatcac  
 caaaccaccaagtattgggttaaacgggttcaaccaaatacaactacacata  
 atatctgtgtccaagaattcttcaagtacctttccggatttccatttgat  
 ttcagtggactttgaagacggatcaccactctcattcagatgaaattctt  
 tggagagaactttattttcgaagtaagggttttcatcaaaatactgtaac  
 aaacaattagagatgccaatcaacataaacagctcttctaaccaaagctt  
 cattcgacagtgacaaaacaagttaggttactgatacttcaaaaatctat  
 tctgtaacctgatttaatatcttcaaattctgtcacttcaactcttgtca  
 aataatgcagcgctcttccatctctctccccaagcagtgacagacactaga  
 ccagtaaacacaggccaacataattagtaaacattaagaattcaagcaa  
 tctcttttttaaatttcccaaatttagtgagcatcttgggtttcataaat  
 ctattattaactgaaaaccaaattggctcagtgatcagagcactcaccact  
 tctaccaagttattaacagaatccaaagttagaatacaatctcttctaa  
 atacactgcatttaattccaagcctcacactgagttttcaaccctcacac  
 cgattagttcaacctctgcttataaccatattgttggaccaaattctcaac  
 caatgtccctccacccttcaagtgaacatcccacaccctttaataatgct  
 ctgccataacttaccttgtgggTGGTTAACAAATGTTGTTACCCAAA

### c. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 2 pada genom sapi (*B. taurus*)

>[chr11:99223044+99224274](#) (Bos Taurus) 1231bp

Forward primer: **GTACAAAATGAAATAGACAGGTAAAG**

Reverse primer: **ACTTACAAAATCTATTCTGTAACCTG**

GTACAAAATGAAATAGACAGGTAAAGtttttctcagtttactttgaagtt  
 ttctgacctgattatgttttggaatcattgaaactatggccaagtaaat  
 ctgtatcttttggctaagtggagatgactataactgggaaatattaggat  
 tcagtgttatttttttctgtgatataattttaggtcaccaaaaagttggt  
 aatgaaagtacattgaccttgataaagattgggattgctttcatagggt  
 gaggaattgttgacgtgtgtggacttctgatagtgtagtatttttagcatt  
 agtggttgctctgacttgccataaactgttacttgattggcagctttttc  
 ttcttgagagaaacagttgaggttagcctagtaattggagtttagataaagt  
 attaaatgttaccaaaatgctgttttggcactttaagaactgtcagttac  
 tgagtgcctgttggcaaagcttattagattgccatctcaattttgagttg  
 agtctctgactgcaaaaatttaggtgatttgggttattacatataggact  
 ttgcattgttctaaggctaacaagagtcaataatttttaattctcagccgtt  
 tttgtatttgttaagtaccatcgttggtcagtggtgtcttttcatattgctt  
 cagacttaatgaacaagccagtgaggagattttgaaagtagaacagaaat  
 ataacaaactccgccaccattttttcagaagaggtcagaattgatcgcc  
 aaaatcccaaatttttgggtaacaacatttgttaaccatccacaaggtat  
 gtgatggcagggcattattgaaggatatgggatgtccacttgttgtaaag

```

gggaggggatccttggttgaggacttgatcccatgttggttacctgcaga
ggttgaaacagggagaggccttgcaattaatgccttggtgttagaagagct
catatgctaattgtacgggttggttgaattacttgaagatgatggtagctc
tgactctgagccatttggttattcagtttaattagtggtttatgaaaccaa
atttgggcagtcctaaaagggatcgctgagttgtacgtttgtataatcac
ttggtctccttgcggtctagtgctgcactgcttggggaggaggatga
gaggcgctgcattatttgacaagagttgaagtgcagaatttgaagact
taaataCAGGTTACAGAATAGATTTTGTAAAGT

```

d. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 2 pada genom babi (*S. scrofa*)

(null) >[chr1:303082649-303084146](#) 1275bp

Forward primer: GTACAAAATGAAATAGACAGGTAAAG  
Reverse primer: ACTTACAAAATCTATTCTGTAACCTG

GTACAAAATGAAATAGACAGGTAAAGttttcctcaatttacttttgaaaaagttttctgaccttagtag  
ggtttggttaattgaaactatggccaaatatatctgtatgcactggctaagtgaaggtaattataaactt  
agttggaaatactatgaggattcagtggtatttttctcagaaatgcttgtaagggtcaccaaaaagttt  
ctgattgacctctggaaaaatttggtttgcttggtaggttacaaactggctaagttgcagtggtggca  
acataaacagtttagcattatgctatttagtggtgctctgacttgccatacaacttcgttacttggtt  
ggcagcttttttggttttttcttcatttgcttgagagaaaaaagattgcttggttaataagagtaataa  
atatacagtggttaccaaaatgcagttgggacactttaagcatgtagatttttgagtgcctactggtaa  
agcatatcaaattgccatctcagttttgactctggctacaaaaatctaggtgatgtggttattataaa  
tttgcatttcattgtgttgtaagctaataagaataaatacactgttatcagcagtttttgattttgt  
tatgtaccatcattgtcaacatgtgttttcatttgcttcagacttaatgaacaagccagtgaggagat  
tttgaaagtagaacagaaatataacaaactccgccaccattttttcagaagaggtcggaattgatcg  
ccaaaatcccaacttttggttaacaacatttggttaaccaccacaaaggtaagttatggcagagcatt  
attaaaggtgtggtggtggtcacttgagggtggagggtacattggttgagaatttggtccaacatatg  
gttataagcagaggttgaaactaatcggtgtgagggttgaaatactcagtggtgagggttggaattaatg  
cagtggtatttagaagagattgtattcctaactttggattctgtttaataacttggtagaaggtggtgag  
tgctctgacactgagccatttggttttcagtttaataatagattttatgaaaccaaagatgctcactaaa  
tttgggaaatttttaaaaagagattgcttgaaattcctaattggttactaattatggttggcctgtgtgtta  
ctggtctagtgctgcactgcttggggaggaggatgaagaggcgctgcattatttgacaagagttgaa  
gtgacagaatttgaagatatataaatCAGGTTACAGAATAGATTTTGTAAAGT

e. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 2 pada genom anjing

## MFEprimer-2.0 Report

[Home](#) | [Query](#) | [Descriptions](#) | [Details](#) | [Parameters](#) | [Citation](#)

### Query

| Query ID | Sequence (5' → 3')         | Length | GC%  | Tm   |
|----------|----------------------------|--------|------|------|
| Seq1     | GTACAAAATGAAATAGACAGGTAAAG | 26     | 30.8 | 55.5 |
| Seq2     | ACTTACAAAATCTATTCTGTAACCTG | 26     | 30.8 | 56.1 |

[View Hairpins & Dimers](#)

### Descriptions of 1 potential amplicons

[What's this?](#) [How to explain the result?](#)

| ID | Accession | Fp x Rp     | Size (bp) | PPC (%) | Fp Tm (°C) | Rp Tm (°C) | Fp ΔG (kcal/mol) | Rp ΔG (kcal/mol) | Fp 3' ΔG (kcal/mol) | Rp 3' ΔG (kcal/mol) |
|----|-----------|-------------|-----------|---------|------------|------------|------------------|------------------|---------------------|---------------------|
| 1  | chr9      | Seq2 x Seq1 | 1314      | 100.0   | 56.1       | 55.5       | -22.6            | -22.4            | -3.3                | -1.1                |

f. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 3 pada genom sapi (*B. taurus*)

(null)

>[chr11:99224410+99225477](#) 1068bp  
 Forward primer: CAAAGAATTTTCATCTGAATGAG  
 Reverse primer: CAAATCTTTTTACCTCTCCTTC  
 CAAAGAATTTTCATCTGAATGAGagtggatgatccatcttcaaagtccactg  
 aaatcaaagtggaaatctggaaaggatatttgaggacttgggcattaatatt  
 ttgtatgggttgatttagttgaaccattttactaataacttggatattttgg  
 tgatgtgtttaaattgcagatccttaaaaaagatttgggttaaggccaaata  
 caatagcttatgggtcttataagataatggagcaagttttttagacatgg  
 acttaaatcattttgaattttacatcgggtggctttgtttctgaagacct  
 tttctgtctgcatttaagtagtaaacataaatatttttaattatactgtc  
 tcaagatactgggtgttgaagtagaactaattttatatgtattaaaaaac  
 caaatctagacagtaactttcaagaaaagggtggcatacaaatttgacagc  
 attctttgcagacttaaaatcctaagggtttcttctctttattaactgtac  
 tttttataatttcagataagaataatagtgtggatcatataatgtccaga  
 ttttgcctctgcttttgggttaaaactttatttaagttgtagagatgagg  
 atagagagcctatgtatcataagttcttctgtcttcatttaggatttgac  
 gaaacgatcaagtcaaacacagaataaaagccagcaggaagagacagcatg  
 aggaaccagaaagcttcttcacctgggttactgatcattctgatgcagg  
 gcagatgagtttaggagagggtcatcaaagatgatatttggccaaatccatt  
 acagtactacttgggtgagttgagaatgttcttttattcaagggtttactt  
 gttccatttgggttgaagtgaagtttgaaggtaaccttcgatcttgggtt  
 ttccctaggttccctgacatggatgatgaggaaggggaaggagaaggat  
 gacgacgacgacgaagaggaagaaggattggaagacattgatgaagaagg  
 ggatgaggatgaagggtgaagaagatgaagatgatgatgagggggagGAAG  
 GAGAGGTAAAAAGATTTG

g. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 3 pada genom babi (*S. scrofa*)

>[chr1:303083295+303084516](#) 1222bp  
 Forward primer: CAAAGAATTTTCATCTGAATGAG  
 Reverse primer: CAAATCTTTTTACCTCTCCTTC  
 CAAAGAATTTTCATCTGAATGAGagtggatgatccgtcttcaaagtccactg  
 aaatcaaagtggaaatccggaaaggatcttgaagaattcttggacacagat  
 attatgtgtagtttgatttgggtgaaccgtttaaccaataacttgggtgggt  
 tggatgatgtttaaattgtagatccttaaaatgtaaaaagctccatttgt  
 taaaacccaatacagtagctcagaggtctaaattatactgtgtttaaga  
 taactgggtgttgaagtagaactaattttactttttttgatctttgctct  
 ttttagggccacactcacggcacatggaggttcccaggctaggggtctaa  
 tcagctcttggcactggcctacgccagagccacaacaacgccagatctca  
 agctgcatctgctacctacaccacgctcacagcattgccgcatcgtaa  
 tccactgagtgaaggccagggttgaaccgaaaccttgtggttcttagtt  
 ggatttgtttctgctgcccattgacgggaactccggaactaattttactt  
 caaaaagccagggtctagggtgtagtaaaagcttgtcatacagatttgaca  
 tgttctttgtagacctaaaatttttaggacttctctttttgaccgggtgta  
 ctttttatagcttaatatgaaaataacagtgtaggtaataataactaatgtc  
 cattttttgtctgtcttttgggttagaaccttattgttaaatataggg  
 acttgaggatagagagcctatatcaaaagttgtccgtcttcatttagga  
 tttgacaaaacgttcaagtcaaacgcagaataaaggccagcaggaagagac



```

agcatgaggaaccagagagcttcttcacctgggtttactgatcattctgat
gcaggtgcagatgagttaggagaggtcatcaaagatgatatttggccaaa
tccattacagtactacttgggtgagttgagaacgttcttttttgcagggt
tacacttgttgcatttgggttgaagaggagatctcaaggtaactcttggtt
gatttttcttaggttcctgacatggatgatgaggaaggggaaggagaaga
agatgatgatgatgaagaggaagaaggattggaagatattgatgaag
aaggggatgaggatgaaggtgaagaagatgaagatgatgatgagggggag
GAAGGAGAGGTAAAAAGATTG

```

h. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 3 pada genom anjing

### MFEprimer-2.0 Report

[Home](#) | [Query](#) | [Descriptions](#) | [Details](#) | [Parameters](#) | [Citation](#)

#### Query

| Query ID | Sequence (5' → 3')     | Length | GC%  | Tm   |
|----------|------------------------|--------|------|------|
| Seq1     | CAAAGAATTTCATCTGAATGAG | 22     | 31.8 | 52.1 |
| Seq2     | CAAATCTTTTACCTCTCCTTC  | 22     | 36.4 | 53.4 |

[View Hairpins & Dimers](#)

#### Descriptions of 1 potential amplicons

[What's this?](#) [How to explain the result?](#)

| ID                         | Accession | Fp x Rp     | Size (bp) | PPC (%) | Fp Tm (°C) | Rp Tm (°C) | Fp ΔG (kcal/mol) | Rp ΔG (kcal/mol) | Fp 3' ΔG (kcal/mol) | Rp 3' ΔG (kcal/mol) |
|----------------------------|-----------|-------------|-----------|---------|------------|------------|------------------|------------------|---------------------|---------------------|
| <input type="checkbox"/> 1 | chr9      | Seq2 x Seq1 | 1283      | 56.5    | 43.7       | 52.1       | -13.7            | -19.0            | -2.7                | -2.2                |

i. Hasil *in silico* PCR pasangan primer 3 pada genom manusia (*Homo sapiens*)

### MFEprimer-2.0 Report

[Home](#) | [Query](#) | [Descriptions](#) | [Details](#) | [Parameters](#) | [Citation](#)

#### Query

| Query ID | Sequence (5' → 3')     | Length | GC%  | Tm   |
|----------|------------------------|--------|------|------|
| Seq1     | CAAAGAATTTCATCTGAATGAG | 22     | 31.8 | 52.1 |
| Seq2     | CAAATCTTTTACCTCTCCTTC  | 22     | 36.4 | 53.4 |

[View Hairpins & Dimers](#)

#### Descriptions of 1 potential amplicons

[What's this?](#) [How to explain the result?](#)

| ID                         | Accession    | Fp x Rp     | Size (bp) | PPC (%) | Fp Tm (°C) | Rp Tm (°C) | Fp ΔG (kcal/mol) | Rp ΔG (kcal/mol) | Fp 3' ΔG (kcal/mol) | Rp 3' ΔG (kcal/mol) |
|----------------------------|--------------|-------------|-----------|---------|------------|------------|------------------|------------------|---------------------|---------------------|
| <input type="checkbox"/> 1 | NC_000009.11 | Seq1 x Seq2 | 1147      | 49.9    | 52.1       | 41.8       | -19.0            | -12.9            | -2.2                | -2.7                |

### Lampiran 3. Nilai Kualitas dan Konsentrasi Isolasi DNA

#### a. Nilai kualitas dan konsentrasi isolasi DNA ke-1

| No | Nama Sampel | Nilai OD 260<br>(nm) | Konsentrasi DNA<br>(ng/μl) | A260/A280<br>(nm) |
|----|-------------|----------------------|----------------------------|-------------------|
| 1  | Sapi        | 0,006                | 30                         | 1,5               |
| 2  | Sapi        | -0,033               | -165                       | 1,137             |
| 3  | Sapi        | -0,017               | -85                        | 0,8               |
| 4  | Babi        | 0,001                | 5                          | -0,14             |
| 5  | Babi        | -0,030               | -150                       | 1                 |
| 6  | Babi        | -0,025               | -125                       | 1,08              |

#### b. Nilai kualitas dan konsentrasi isolasi DNA ke-2

| No | Nama Sampel | Nilai OD 260<br>(nm) | Konsentrasi DNA<br>(ng/μl) | A260/A280<br>(nm) |
|----|-------------|----------------------|----------------------------|-------------------|
| 1  | Babi        | 0,064                | 256                        | 1,64              |
| 2  | Sapi        | 0,121                | 484                        | 1,728             |
| 3  | Sapi        | 0,178                | 712                        | 1,977             |

#### c. Nilai kualitas dan konsentrasi isolasi DNA ke-3

| No | Nama Sampel | Nilai OD 260<br>(nm) | Konsentrasi DNA<br>(ng/μl) | A260/A280<br>(nm) |
|----|-------------|----------------------|----------------------------|-------------------|
| 1  | Babi        | 0,079                | 196,6                      | 1,799             |
| 2  | Sapi        | 0,375                | 936,6                      | 1,978             |

#### Lampiran 4. Profil Kualitas Isolasi DNA



Keterangan. Hasil elektroforesis isolasi DNA ke-2 sapi dan babi pada agarose 0,8 %.  
M: *Marker* 1Kbp (Microzone Ltd.), 1: Babi, 2: Sapi, dan 3: Sapi.

## Lampiran 5. Lembar Spesifikasi Primer

### a. Primer forward 1



**IDT**  
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

SPECIFICATION SHEET WWW.IDTDNA.COM

---

**30-Jan-2017**

**Sequence - Forward 1**

**5'- TTT TGG GTA ACA ACA TTT GTT AAC CA -3'**

Order No. **8472593**

Ref. No. **98986866**

25 nmole DNA Oligo, 26 bases

---

| Properties                                                                                                                                                                                             | Amount Of Oligo                                                              | Shipped To                                                                                                                                                                                                    |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <p><i>T<sub>m</sub></i> (50mM NaCl)*: 54.1 °C</p> <p>GC Content: 30.8%</p> <p>Molecular Weight: 7,959.2</p> <p>nmole/OD260: 3.9</p> <p>ug/OD260: 31.3</p> <p>Ext. Coefficient: 253,900 L/(mole·cm)</p> | <p>5.3 = 20.8 = 0.17</p> <p>OD260 nmole mg</p> <p>For 100 µM: add 208 µL</p> | <p>AGUNG SURONO</p> <p>CV AGRI BIOTECH</p> <p>JL. JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC</p> <p>YOGYAKARTA, INDONESIA 55242</p> <p>INDONESIA</p> <p>08562927655027</p> <p>Customer No. 4419726 PO No. 3346-JC-1701</p> |

---

**Secondary Structure Calculations**

Lowest folding free energy (kcal/mole): -5.04 at 25 °C

Strongest Folding *T<sub>m</sub>*: 54.5 °C

**Disclaimer**

See on reverse page notes (I) (II) & (III) for usage, license, and product warranties

---

| Oligo Base Types           | Quantity |
|----------------------------|----------|
| DNA Bases                  | 26       |
| Modifications and Services | Quantity |
| Standard Desalting         | 1        |

---

Mfg. ID 214344942

Labels - Peel Here

**98986866**

A. SURONO

214344942

**Reverse 1**

5'- TTT TGG GTA ACA ACA TTT GTT AAC CA -3'

M/Wt: 7,959.2g/mol *T<sub>m</sub>*: 54.1°C

6,200 µg = 20.8nmole = 6.17mg

**I N S T R U C T I O N S**

\*Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.

\*Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.

\*The *T<sub>m</sub>* shown takes no account of Mg<sup>2+</sup> and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at [www.idtdna.com/scitools](http://www.idtdna.com/scitools) to calculate accurate *T<sub>m</sub>* for your reaction conditions.



## b. Primer reverse 1

**IDT**  
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

SPECIFICATION SHEET

30-Jan-2017

Order No. 8472540

Ref. No. 98986865

Sequence - Reverse 1

25 nmole DNA Oligo, 25 nmole

5'- CTG TCT CTT CCT GCT GGC TTT ATT CT -3'

| Properties                              | Amount Of Oligo            | Shipped To                               |
|-----------------------------------------|----------------------------|------------------------------------------|
| T <sub>m</sub> (50mM NaCl)*: 58.5 °C    | 6.9 = 32.2 = 0.25          | AGUNG SURONO                             |
| GC Content: 46.2% ✓                     | OD <sub>260</sub> nmols mg | CV AGRI BIOTECH                          |
| Molecular Weight: 7,836.1               | For 100 µM: add 322 µL     | JL JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC         |
| nmols/OD <sub>260</sub> : 4.6           |                            | YOGYAKARTA, INDONESIA 55242              |
| ug/OD <sub>260</sub> : 36.4             |                            | INDONESIA                                |
| * Ext. Coefficient: 215,400 L/(mole·cm) |                            | 08562927655027                           |
|                                         |                            | Customer No. 4419726 PO No. 3345-JC-1000 |

**Secondary Structure Calculations**

Lowest folding free energy (kcal/mole): -1.07 at 25 °C

Strongest Folding T<sub>m</sub>: 43.3 °C

| Oligo Base Types                  | Quantity | Disclaimer                                                                                  |
|-----------------------------------|----------|---------------------------------------------------------------------------------------------|
| DNA Bases                         | 26       | See on reverse page notes (i) (ii) & (iii) for usage, label license, and product warranties |
| <b>Modifications and Services</b> | Quantity |                                                                                             |
| Standard Desalting                | 1        |                                                                                             |

Mfg. ID21 4344941

Labels - Peel Here

98986865  
A. SURONO  
214344941  
Forward 1  
P: CTG TCT CTT CCT GCT GGC TTT ATT CT 3  
MW= 7,836.1g/mol T<sub>m</sub>= 58.5°C  
6.9OD = 32.2nmols 0.25mg

**INSTRUCTIONS**

\*Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.

\*Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.

\*The T<sub>m</sub> shown takes no account of Mg<sup>2+</sup> and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at [www.idtdna.com/scitools](http://www.idtdna.com/scitools) to calculate accurate T<sub>m</sub> for your reaction conditions.

## c. Primer forward 2

**IDT**  
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

SPECIFICATION SHEET

30-Jan-2017

Order No. 8472580

Ref. No. 98986867

25 nmole DNA Oligo, 26 bases

**Sequence - Forward 2**

5'- GTA CAA AAT GAA ATA GAC AGG TAA AG -3'

| Properties                           | Amount Of Oligo        | Shipped To                               |
|--------------------------------------|------------------------|------------------------------------------|
| $T_m$ (50mM NaCl)*: 50.5 °C          | 4.9 = 16.9 = 0.14      | AGUNG SURONO                             |
| GC Content: 30.8%                    | OD260 nmol mg          | CV AGRI BIOTECH                          |
| Molecular Weight: 8,093.4            | For 100 µM: add 169 µL | JL. JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC        |
| nmol/OD260: 3.5                      |                        | YOGYAKARTA, INDONESIA 55242              |
| µg/OD260: 28.2                       |                        | INDONESIA                                |
| Ext. Coefficient: 287,200 L/(mol·cm) |                        | 08562927655027                           |
|                                      |                        | Customer No. 4419726 PO No. 3346-JC-1701 |

**Secondary Structure Calculations**

Lowest folding free energy (kcal/mole): 0.17 at 25 °C

Strongest Folding  $T_m$ : 21.4 °C

| Oligo Base Types | Quantity |
|------------------|----------|
| DNA Bases        | 26       |

| Modifications and Services | Quantity |
|----------------------------|----------|
| Standard Desalting         | 1        |

**Disclaimer**

See on reverse page notes (I) (II) & (III) for usage, label license, and product warranties

Mfg. ID214344943

Labels - Peel Here

98986867  
A. SURONO  
214344943  
Forward 2  
5'-GTA CAA AAT GAA ATA GAC AGG TAA AG-3'  
MW: 8,093.4g/mol  $T_m$ : 50.5°C  
4,900 = 16.9µmol = 0.14mg

**INSTRUCTIONS**

\*Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.

\*Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.

\*The  $T_m$  shown takes no account of  $Mg^{2+}$  and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at [www.idtdna.com/scitools](http://www.idtdna.com/scitools) to calculate accurate  $T_m$  for your reaction conditions.

## d. Primer reverse 2

**IDT**  
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

SPECIFICATION SHEET WWW.IDTDNA.COM

30-Jan-2017 Order No. **8472593**

Ref. No. **98986868**

**Sequence - Reverse 2** 25 nmole DNA Oligo, 26 bases

**5'- ACT TAC AAA ATC TAT TCT GTA ACC TG -3'**

| Properties                                 | Amount Of Oligo        | Shipped To                               |
|--------------------------------------------|------------------------|------------------------------------------|
| <i>T<sub>m</sub></i> (50mM NaCl)*: 51.2 °C | 4.0 = 16 = 0.13        | AGUNG SURONO                             |
| GC Content: 30.8%                          | OD 260 nmols mg        | CV AGRI BIOTECH                          |
| Molecular Weight: 7,888.2                  | For 100 µM: add 160 µL | JL. JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC        |
| nmols/OD260: 4.0                           |                        | YOGYAKARTA, INDONESIA 55242              |
| µg/OD260: 31.3                             |                        | INDONESIA                                |
| Ext. Coefficient: 252,200 L/(mole·cm)      |                        | 08562927655027                           |
|                                            |                        | Customer No. 4419726 PO No. 3346-JC-1701 |

**Secondary Structure Calculations**

Lowest folding free energy (kcal/mole): -0.29 at 25 °C  
Strongest Folding *T<sub>m</sub>*: 27.5 °C

| Oligo Base Types                  | Quantity | Disclaimer                                                                                  |
|-----------------------------------|----------|---------------------------------------------------------------------------------------------|
| DNA Bases                         | 26       | See on reverse page notes (I) (II) & (III) for usage, label license, and product warranties |
| <b>Modifications and Services</b> | Quantity |                                                                                             |
| Standard Desalting                | 1        |                                                                                             |

Mfg. ID214344944 Labels - Peel Here

98986868 IDT

A. SURONO 30-Jan-2017

214344944

Reverse 2

5'-ACTTACAAAATCTATTCTGTAACTG-3'

MW: 7,888.2g/mol T<sub>m</sub>: 51.2°C

4.0OD = 16nmol = 0.13mg

**INSTRUCTIONS**

\*Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.

\*Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.

\*The *T<sub>m</sub>* shown takes no account of Mg<sup>2+</sup> and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at [www.idtdna.com/scitools](http://www.idtdna.com/scitools) to calculate accurate *T<sub>m</sub>* for your reaction conditions.

M



## e. Primer forward 3

| IDT<br>INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES                                                                                                                                                                                                                                    |  | SPECIFICATION SHEET          |  | WWW.IDTDNA.COM                                                                              |  |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|------------------------------|--|---------------------------------------------------------------------------------------------|--|
| 30-Jan-2017                                                                                                                                                                                                                                                           |  | Order No.                    |  | 8472593                                                                                     |  |
|                                                                                                                                                                                                                                                                       |  | Ref. No.                     |  | 98986869                                                                                    |  |
| Sequence - Forward 3                                                                                                                                                                                                                                                  |  | 25 nmole DNA Oligo, 22 bases |  |                                                                                             |  |
| 5'- CAA AGA ATT TCA TCT GAA TGA G -3'                                                                                                                                                                                                                                 |  |                              |  |                                                                                             |  |
| <b>Properties</b>                                                                                                                                                                                                                                                     |  | <b>Amount Of Oligo</b>       |  | <b>Shipped To</b>                                                                           |  |
| T <sub>m</sub> (50mM NaCl)*: 47.7 °C                                                                                                                                                                                                                                  |  | 4.3 = 19 = 0.13              |  | AGUNG SURONO                                                                                |  |
| GC Content: 31.8%                                                                                                                                                                                                                                                     |  | OD <sub>260</sub> nmoles mg  |  | CV AGRI BIOTECH                                                                             |  |
| Molecular Weight: 6,766.5                                                                                                                                                                                                                                             |  | For 100 µM: add 190 µL       |  | JL. JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC                                                           |  |
| nmoles/OD <sub>260</sub> : 4.4                                                                                                                                                                                                                                        |  |                              |  | YOGYAKARTA, INDONESIA 55242                                                                 |  |
| µg/OD <sub>260</sub> : 30.1                                                                                                                                                                                                                                           |  |                              |  | INDONESIA                                                                                   |  |
| Ext. Coefficient: 225,100 L/(mole·cm)                                                                                                                                                                                                                                 |  |                              |  | 08562927655027                                                                              |  |
|                                                                                                                                                                                                                                                                       |  |                              |  | Customer No. 4419726 PO No. 3346-JC-1701                                                    |  |
| <b>Secondary Structure Calculations</b>                                                                                                                                                                                                                               |  |                              |  |                                                                                             |  |
| Lowest folding free energy (kcal/mole): -0.76 at 25 °C                                                                                                                                                                                                                |  |                              |  |                                                                                             |  |
| Strongest Folding T <sub>m</sub> : 34.5 °C                                                                                                                                                                                                                            |  |                              |  |                                                                                             |  |
| <b>Oligo Base Types</b>                                                                                                                                                                                                                                               |  | Quantity                     |  | <b>Disclaimer</b>                                                                           |  |
| DNA Bases                                                                                                                                                                                                                                                             |  | 22                           |  | See on reverse page notes (I) (II) & (III) for usage, label license, and product warranties |  |
| <b>Modifications and Services</b>                                                                                                                                                                                                                                     |  | Quantity                     |  |                                                                                             |  |
| Standard Desalting                                                                                                                                                                                                                                                    |  | 1                            |  |                                                                                             |  |
| Mfg. ID214344652                                                                                                                                                                                                                                                      |  |                              |  |                                                                                             |  |
| Labels - Peel Here                                                                                                                                                                                                                                                    |  |                              |  |                                                                                             |  |
|                                                                                                                                                                                                                                                                       |  |                              |  |                                                                                             |  |
| <b>I N S T R U C T I O N S</b>                                                                                                                                                                                                                                        |  |                              |  |                                                                                             |  |
| *Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.                                                                                                                              |  |                              |  |                                                                                             |  |
| *Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.                                                                                                                                                               |  |                              |  |                                                                                             |  |
| *The T <sub>m</sub> shown takes no account of Mg <sup>2+</sup> and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at <a href="http://www.idtdna.com/sci/oligos">www.idtdna.com/sci/oligos</a> to calculate accurate T <sub>m</sub> for your reaction conditions. |  |                              |  |                                                                                             |  |



## f. Primer reverse 3

**IDT**  
INTEGRATED DNA TECHNOLOGIES

SPECIFICATION SHEET WWW.IDTDNA.COM

30-Jan-2017 Order No. **8472593**

Ref. No. **98986870**

Sequence - Reverse 3 25 nmole DNA Oligo, 22 bases

**5'- CAA ATC TTT TTA CCT CTC CTT C -3'**

| Properties                            | Amount Of Oligo            | Shipped To                               |
|---------------------------------------|----------------------------|------------------------------------------|
| T <sub>m</sub> (50mM NaCl)*: 49.2 °C  | 4.4 = 23.2 = 0.15          | AGUNG SURONO                             |
| GC Content: 36.4%                     | OD <sub>260</sub> nmols mg | CV AGRI BIOTECH                          |
| Molecular Weight: 6,546.3             | For 100 µM: add 232 µL     | JL. JAMBON NO. 605 JATIMULYO KRIC        |
| nmols/OD <sub>260</sub> : 5.3         |                            | YOGYAKARTA, INDONESIA 55242              |
| ug/OD <sub>260</sub> : 34.6           |                            | INDONESIA                                |
| Ext. Coefficient: 189,200 L/(mole·cm) |                            | 08562927655027                           |
|                                       |                            | Customer No. 4419726 PO No. 3346-JC-1701 |

**Secondary Structure Calculations**

Lowest folding free energy (kcal/mole): 0.60 at 25 °C  
Strongest Folding T<sub>m</sub>: 14.3 °C

| Oligo Base Types                  | Quantity | Disclaimer                                                                                  |
|-----------------------------------|----------|---------------------------------------------------------------------------------------------|
| DNA Bases                         | 22       | See on reverse page notes (I) (II) & (III) for usage, label license, and product warranties |
| <b>Modifications and Services</b> | Quantity |                                                                                             |
| Standard Desalting                | 1        |                                                                                             |

Mfg. ID 21 4344653

Labels - Peel Here

98986870

A. SURONO

214344653

Reverse 3

5'-CAA ATC TTT TTA CCT CTC CTT C-3'

MW= 6,546.3g/mol T<sub>m</sub>= 49.2°C

4,400 = 23.2 nmole & 15mg

**I N S T R U C T I O N S**

\*Lyophilized contents may appear as either a translucent film or a white powder. This variance does not affect the quality of the oligo.

\*Please centrifuge tubes prior to opening. Some of the product may have been dislodged during shipping.

\*The T<sub>m</sub> shown takes no account of Mg<sup>2+</sup> and dNTP concentrations. Use the OligoAnalyzer® Program at [www.idtdna.com/scitools](http://www.idtdna.com/scitools) to calculate accurate T<sub>m</sub> for your reaction conditions.

M

## CURRICULUM VITAE

Nama : Fatimah Mustafawi Muhammadi

Tempat, Tanggal Lahir : Ternate, 18 Desember 1995

Alamat Asal : Dsn. Krajan I RT

Alamat Jogja : Jl. Timoho Gk I/444 RT 26/08 Sapen, Kel.  
Demangan, Kec. Gondokusuman, Yogyakarta

No. HP : 082220349982

Email : [fatimahabigail@gmail.com](mailto:fatimahabigail@gmail.com)

Orang Tua

a. Bapak : Moh. Faishol Hasanuddin

Perkerjaan : PNS

b. Ibu : Tariyani

Pekerjaan : PNS

Pendidikan Formal : TK Aisyiyah Makassar (2000)  
SD Negeri 64 Ambon (2007)  
SMP Al-Ma'hadul Islami Bangil Pasuruan (2011)  
SMA Al-Ma'hadul Islami Bangil Pasuruan (2013)

Pendidikan Informal : LBA Mahesa Institute Pare (2012)  
Diklatsar BSMI Yogyakarta (2014)

Forum Ilmiah/Seminar : National Seminar on 'Persian Literature and Its'  
Contribution to the World Knowledge Window'

cooperation with Iranian Corner of Library of Sunan  
Kalijaga State Islamic University and Embassy of  
Islamic Republic of Iran, Peserta (2014)

Seminar Bioteknologi HM-PS Biologi, Moderator  
(2016)

Seminar and Workshop on “DNA Barcode and Its  
Applications”, Kelompok Keilmuan Genetika dan  
Bioteknologi Molekuler SITH/ITB, Peserta (2017)

Prestasi/Penghargaan : Juara III Olimpiade Sains dan Teknologi Mahasiswa  
Tingkat Daerah Istimewa Yogyakarta (2014)



STATE ISLAMIC UNIVERSITY  
SUNAN KALIJAGA  
YOGYAKARTA