



ANALISIS EKSPRESI GEN FOLIKULOGENESIS PADA SAPI BETINA YANG MENGALAMI HIPOFUNGSI OVARIUM

INTISARI

Hipofungsi ovarium merupakan gangguan reproduksi yang paling umum ditemui pada sapi betina, dengan prevalensi 13–23,5% di berbagai wilayah Indonesia. Kondisi ini menyebabkan hambatan folikulogenesis dan penurunan produktivitas, sehingga pemahaman terhadap faktor genetik yang berperan menjadi penting untuk memahami mekanisme molekuler yang mendasari terjadinya hipofungsi ovarium. Metode penelitian yang digunakan dalam penelitian meliputi pengambilan sampel darah dari sapi dengan siklus reproduksi normal dan sapi yang mengalami hipofungsi ovarium, isolasi RNA, dan analisis ekspresi gen menggunakan teknik RT-qPCR. Tujuan dari dilakukannya penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi dan membandingkan perbedaan ekspresi gen antara sapi betina sehat dan sapi betina dengan hipofungsi ovarium, serta memahami hubungan antara perubahan ekspresi gen-gen tersebut pada terjadinya hipofungsi ovarium. Analisis ekspresi relatif menunjukkan bahwa gen *INHBA*, *GDF-9*, dan *IGF-1*, *CYP19A1* dan *BMP-15* mengalami penurunan ekspresi masing-masing sebesar 5,06; 1,95; 5,63; 2,74; dan 2,42 kali lipat pada kelompok hipofungsi ovarium dibandingkan dengan normal. Sebaliknya, gen *KITLG* dan *BAK1* menunjukkan peningkatan ekspresi sebesar 1,94 dan 1,17 kali lipat pada kelompok hipofungsi. Perubahan ekspresi ini mengindikasikan keterlibatan gen-gen tersebut dalam regulasi fungsi ovarium dan mendukung potensinya sebagai kandidat biomarker molekuler pada kasus hipofungsi ovarium pada sapi.

Kata kunci: Hipofungsi ovarium, ekspresi gen, folikulogenesis, RT-qPCR



EXPRESSION ANALYSIS OF FOLLICULOGENESIS GENES OF OVARIAN HYPOFUNCTIONING COWS

ABSTRACT

*Ovarian hypofunction is the most common reproductive disorder found in female cattle, with a prevalence of 13–23.5% in various regions of Indonesia. This condition causes impaired folliculogenesis and reduced productivity, making an understanding of the genetic factors involved crucial for elucidating the molecular mechanisms underlying ovarian hypofunction. The research methods employed in this study include blood sampling from cows with normal reproductive cycles and those with ovarian hypofunction, RNA isolation, and gene expression analysis using RT-qPCR techniques. The objective of this study was to identify and compare gene expression differences between healthy female cows and those with ovarian hypofunction, as well as to understand the relationship between changes in the expression of these genes and the occurrence of ovarian hypofunction. Relative expression analysis showed that the genes *INHBA*, *GDF-9*, and *IGF-1*, *CYP19A1*, and *BMP-15* exhibited decreased expression by 5.06, 1.95, 5.63, 2.74, and 2.42-fold, respectively, in the ovarian hypofunction group compared to the normal group. Conversely, the *KITLG* and *BAK1* genes showed increased expression by 1.94 and 1.17-fold, respectively, in the hypofunction group. These expression changes indicate the involvement of these genes in regulating ovarian function and support their potential as candidate molecular biomarkers in cases of ovarian hypofunction in cattle.*

Keywords: *Ovarian hypofunction; gene expression; folliculogenesis; RT-qPCR.*