

Pendugaan Jarak Genetik Kelinci (*Hyla*, *Hycole*, *Hycorex NZW*, *Rex*, dan *Satin*) Melalui Analisis Morfometrik

*(ESTIMATION OF RABBIT GENETIC DISTANCE
(HYLA, HYCOLE, HYCOLEXNZW, NZW, REX AND SATIN)
THROUGH MORPHOMETRIC ANALYSIS)*

Bram Brahmantiyo¹, Priyono², Rian Rosartio³

¹Balai Penelitian Ternak, Badan Litbang Pertanian, Kementerian Pertanian,
Desa Banjar Waru, Kecamatan Ciawi, Kabupaten Bogor, PO BOX 221 16002
Telpon: (0251) 8240752; email: brahmantiyo@gmail.com

²Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan,
Kav E 59, Jl. Raya Pajajaran, Bogor, 16151

³Loka Penelitian Kambing Potong, Kotak Pos 1,
Sei Putih Galang 20585, Indonesia

ABSTRAK

Penelitian mengenai konformasi tubuh kelinci *Hyla* (CC), *Hycole* (FF), *Hycorex NZW* (FN), *New Zealand White* (NZW), *Rex* (RR), dan *Satin* (SS) bertujuan untuk mengetahui dan menduga jarak genetik mahalanobis di antara rumpun kelinci. Penelitian ini dilakukan di Balai Penelitian Ternak Ciawi, Bogor menggunakan 95 ekor kelinci jantan umur di atas satu tahun. Pengambilan data dilakukan pada kepala (panjang, lebar, dan tinggi), telinga (panjang dan lebar), dada (dalam, lingkar dan lebar), panjang tulang skapula, panjang tulang ulna, panjang tulang femur, dan tibia, panjang badan dan lebar pinggul. Kelinci CC, FF, FN, dan NZW secara umum memiliki ukuran tubuh yang lebih besar dibandingkan dengan kelinci RR dan SS. Jarak genetik terjauh terdapat pada kelinci FF (*Hycole*) dan kelinci RR (*Rex*) yaitu sejauh 4,36. Hasil analisis kanonik memperlihatkan bahwa pembeda ukuran tubuh kelinci adalah lebar kepala, panjang telinga, panjang ulna, panjang tibia, panjang badan, dan lebar pinggul pada kanonik pertama. Simpulan dari penelitian ini bahwa kelinci *Rex* dan *Satin* memiliki jarak genetik yang cukup jauh dengan kelinci *Hyla*, *Hycole*, *HycorexNZW*, dan *NZW*.

Kata-kata kunci: kelinci, jarak genetik, morfometrik

ABSTRACT

The observation on morphological body conformation of *Hyla* (CC), *Hycole* (FF), *HycorexNZW* (FN), *New Zealand White* (NN), *Rex* (RR), and *Satin* (SS) were carried out to determine estimation of mahalanobis genetic distance. This research was held in Ciawi Bogor Livestock Research Institute (Balai Penelitian Ternak Ciawi, Bogor) which 95 head of male rabbits were used. Fourteen different body parts measured were head (length, width, and height), ear (length and width), chest (depth, girth, and width), scapula length, ulna length, femur length, tibia length, body length, and hips wide. CC, FF, FN, and NN rabbits had bigger morphological size than RR and SS rabbits. Mahalanobis genetic distance showed that genetic distance of FF and SS rabbits was the biggest (4.36). Result of canonical analysis showed that the most discriminate variables were obtained by head width, ear length, ulna length, tibia length, body length, and hips wide for first canonical. The conclusion of this study that *Rex* and *Satin* rabbits were have different genetic distance with *Hyla*, *Hycole*, *HycorexNZW* and *NZW* rabbits.

Key words: rabbit, genetic distance, morphometric

PENDAHULUAN

Kelinci merupakan ternak yang memiliki potensi tinggi untuk menghasilkan daging, kulit-rambut bermutu, hewan kesayangan/hias, dan sebagai objek penelitian di laboratorium (Raharjo *et al.*, 2001). Permintaan daging kelinci dewasa ini semakin meningkat seiring dengan mulai dikenalnya usaha beternak kelinci, baik melalui *demplo*/percontohan, transfer informasi, dan teknologi. Salah satu keunggulan ternak kelinci adalah potensinya untuk dikembangkan pada skala rumah tangga/kecil, dan mampu berkembang biak berbasis kearifan lokal dalam hubungannya dengan peternakan rakyat.

Kelinci yang saat ini dibudidayakan di Indonesia sebagian besar merupakan kelinci impor dari berbagai negara di Eropa dan Amerika. Dalam rangka introduksi jenis kelinci baru di Indonesia untuk produksi kulit-rambut, telah didatangkan jenis kelinci *Rex* dari Amerika pada tahun 1988. Adapun jenis-jenis kelinci yang saat ini banyak dibudidayakan oleh peternak di Indonesia merupakan hasil persilangan, sehingga sulit diperoleh kelinci-kelinci turunan murni. Hal tersebut juga dipengaruhi oleh perbedaan lokasi asal kelinci dengan daerah tropik di Indonesia yang menyebabkan kinerja yang dihasilkan akan berbeda dari turunan murninya. Oleh karena itu diperlukan informasi mengenai inventarisasi dan karakterisasi berbagai rumpun yang telah ada.

Karakterisasi rumpun-rumpun kelinci dibutuhkan sebagai dasar pemuliaan untuk membentuk kelinci yang mampu beradaptasi pada lingkungan tropis dengan produktivitas yang tinggi. Besaran mortalitas kelinci cukup sensitif dengan perubahan musim, hal tersebut sesuai dengan Tablado dan Revilla (2012) bahwa diperlukan adanya mitigasi terhadap perubahan iklim untuk menjaga distribusi populasi kelinci. Oleh karena itu diperlukan peningkatan populasi kelinci dengan memanfaatkan karakterisasi berbagai rumpun untuk menghasilkan kelinci yang unggul secara fenotipik dan genetik melalui persilangan antar kelinci yang terpaut jauh jarak genetiknya.

Pendugaan jarak genetik dapat menggunakan pendekatan analisis morfometrik pada kelinci. Menurut Dalle *et al.* (2012) pengukuran morfometrik kelinci yang meliputi panjang badan, panjang telinga, panjang kepala, tinggi kepala, lebar skapula, tulang ulna, tulang tibia, lebar telinga, lingkaran kepala, dan lingkaran

pinggul dapat digunakan untuk menduga jarak genetik kelinci. Zhu *et al.* (2004) lebih lanjut mengemukakan bahwa analisis keragaman genetik dapat dilakukan menggunakan lokus mikrosatelit.

Penelitian ini bertujuan untuk memberikan informasi tambahan mengenai karakteristik khusus kelinci berdasarkan ukuran tubuh pada kelinci *Hyla*, *Hycole*, *HycolexNZW*, *New Zealand White*, *Rex* dan *Satin*, menentukan jarak genetik, pohon fenogram, dan mengetahui peubah pembeda rumpun kelinci. Luaran yang diharapkan yaitu dapat menjadi sumber informasi dasar bagi penentuan kebijakan pengembangan rumpun kelinci. Hipotesis yang dikembangkan adalah ada perbedaan genetik secara fenotif ukur tubuh disebabkan karena adanya pengaruh lingkungan perkembangan yang berbeda.

METODE PENELITIAN

Penelitian mengenai jarak genetik kelinci berdasarkan morfometrik kelinci dilakukan di Balai Penelitian Ternak, Kecamatan Ciawi, Kabupaten Bogor. Penelitian ini menggunakan 95 ekor kelinci jantan umur di atas satu tahun yang terdiri atas delapan ekor kelinci *Hyla* (CC); 29 ekor kelinci *Hycole* (FF); 14 ekor kelinci *Hycolex NZW* (FN); sembilan ekor kelinci *New Zealand White* (NN), 18 ekor kelinci *Rex* (RR), dan 17 ekor kelinci *Satin* (SS).

Alat ukur yang digunakan dalam penelitian ini terdiri atas meteran kain berskala terkecil 1 mm, jangka sorong berskala terkecil 0,01 mm, dan timbangan digital berskala terkecil 0,01 g. Peubah fenotif yang diamati dalam penelitian ini meliputi panjang kepala (cm), lebar kepala (cm), tinggi kepala (cm), panjang telinga (cm), lebar telinga (cm), dalam dada (cm), lingkaran dada (cm), lebar dada (cm), panjang skapula (cm), panjang tulang ulna (cm), panjang tulang femur (cm), panjang tulang tibia (cm), panjang badan (cm), dan lebar pinggul (cm).

Perbedaan dari ukuran tubuh kelinci yang diamati, dianalisis menggunakan *General Linear Models* (GLM) menurut *Statistics Analytical System* (SAS, 1997). Analisis lebih lanjut dilakukan untuk peubah-peubah yang memenuhi syarat untuk dilakukan uji lanjut. Dalam mengukur jarak genetik kelinci, sebelumnya perlu dibuat fungsi diskriminan melalui pendekatan mahalanobis seperti yang dikemukakan Nei (1987), bahwa pendekatan

mahalanobis dapat dilakukan dengan matriks ragam peragam antara peubah dari masing-masing rumpun yang diamati menjadi sebuah matriks.

Matriks hasil penggabungan dapat dijelaskan kedalam bentuk:

$$C = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{1P} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{2P} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ C_{P1} & C_{P2} & C_{P3} & C_{PP} \end{pmatrix}$$

Untuk mendapatkan jarak kuadrat minimum digunakan rumus seperti tertera dibawah ini:

$$D^2_{(ij)} = (\bar{X}_i - \bar{X}_j)' C^{-1} (\bar{X}_i - \bar{X}_j)$$

$D^2_{(ij)}$ = nilai statistik Mahalanobis sebagai ukuran jarak kuadrat genetik antar dua rumpun (antara rumpun i terhadap rumpun j).

C^{-1} = kebalikan matriks gabungan ragam peragam antar peubah

X_i = vektor nilai rata-rata pengamatan dari rumpun kelinci i pada masing-masing peubah, dan

X_j = vektor nilai rata-rata pengamatan dari rumpun kelinci ke j pada masing-masing peubah

Hasil analisis statistika mahalanobis menggunakan *Proc Discrim* aplikasi SAS (SAS, 1997). Berdasarkan hasil *output* SAS tersebut, kemudian dilakukan pengakaran terhadap hasil jarak genetiknya. Selanjutnya untuk membuat pohon fenogram diperoleh melalui *input* data hasil pengakaran jarak genetik menggunakan *software* MEGA2 (Kumar *et al.*, 2001). Adapun teknik pembuatan pohon fenogram dilakukan menggunakan metode *Unweight Pair Group Method with Arithmetic* (UPGMA) dengan asumsi bahwa laju evolusi antar kelompok adalah sama.

Penentuan peta penyebaran dan nilai kesamaan serta campuran di dalam dan di antara kelompok kelinci diperoleh menggunakan analisis *canonical*. Dalam SAS (1997), analisis *canonical* dipakai untuk menentukan beberapa peubah yang memiliki pengaruh kuat terhadap terjadinya pengelompokan rumpun dengan prosedur analisis menggunakan *Proc Candisk*.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakteristik Ukuran Tubuh

Berdasarkan hasil uji *Least Square Means* (LSM) pada kelinci menggunakan alat analisis SAS, memberikan informasi mengenai perbedaan dan persamaan ukuran panjang kepala, lebar kepala, tinggi kepala, panjang telinga, lebar telinga, dalam dada, lingkaran dada, lebar dada, panjang skapula dan ulna, panjang femur dan tibia, panjang badan, serta lebar pinggul. Perbedaan ukuran peubah yang diamati pada jenis kelinci yang berbeda disajikan pada Tabel 1.

Kelinci *Hyla* (CC), *Hycole* (FF), FN, dan *New Zealand White* (NN) memiliki ukuran kepala (lebar dan tinggi), telinga (panjang dan lebar), panjang skapula, ulna, femur dan tibia, panjang badan serta lebar pinggul yang lebih besar dibandingkan dengan kelinci *Rex* (RR) dan *Satin* (SS). Adapun untuk ukuran dada (dalam dan lebar), kelinci *Satin* (SS) memiliki ukuran yang paling kecil di antara semua kelinci yang ada di Balai Penelitian Ternak Ciawi. Kelinci *Rex* dan *Satin* jika dibandingkan dengan kelinci *Angora* dan kelinci *Chincillas* hasil penelitian Farag *et al.* (2012) bahwa dengan ukuran morfometrik panjang kepala sebesar 12,78 cm dan lebar pinggul sebesar 11,90 cm, maka panjang kepala kelinci *Rex* dan *Satin* relatif sama. Namun, lebar pinggulnya relatif lebih kecil. Lebih lanjut Brahmantiyo *et al.* (2006) melaporkan bahwa ukuran-ukuran morfometrik kelinci *English Spot*, kelinci *Flemish Giant*, dan kelinci *New Zealand White* memperlihatkan bentuk tubuh yang relatif lebih panjang dan besar dibandingkan dengan kelinci *Rex* dan *Satin*.

Ukuran-ukuran tubuh tersebut memperlihatkan bentuk tubuh yang relatif lebih besar dan panjang untuk kelinci CC, FF, FN, dan NN, sehingga kelinci-kelinci tersebut lebih memberikan penampilan tubuh yang besar namun terlihat ramping dan kurus. Adapun kelinci *Rex* dan *Satin* memiliki panjang kepala dan lingkaran dada yang relatif sama besarnya dengan kelinci CC, FF, FN, dan NN. Hal tersebut membuat penampilan kelinci *Rex* dan *Satin* yang kompak dan proporsional sehingga tampak gemuk dan memiliki perdagingan yang padat. Menurut Brahmantiyo *et al.* (2010), bahwa kelinci *Rex* dan *Satin* merupakan kelinci yang memiliki produksi karkas yang memadai,

Tabel 1. Perbedaan ukuran peubah yang diamati pada kelinci-kelinci di Balai Penelitian Ternak, Ciawi Bogor

Peubah(cm)	<i>Hyla</i> (CC)	<i>Hycole</i> (FF)	FN (FN)	NZW (NN)	<i>Rex</i> (RR)	<i>Satin</i> (SS)
Panjang Kepala	12,63 ^{abc}	13,98 ^a	11,79 ^c	12,22 ^{bc}	13,33 ^{abc}	13,76 ^{ab}
Lebar Kepala	6,88 ^a	6,43 ^a	6,63 ^a	6,33 ^a	5,54 ^b	5,43 ^b
Tinggi Kepala	7,49 ^a	6,64 ^b	7,32 ^a	7,20 ^a	6,48 ^b	6,44 ^b
Panjang Telinga	13,38 ^{ab}	13,75 ^a	13,71 ^a	12,89 ^b	12,05 ^c	11,99 ^c
Lebar Telinga	7,00 ^{abc}	7,45 ^a	7,29 ^{ab}	7,33 ^{ab}	7,33 ^c	6,64 ^c
Dalam Dada	8,76 ^a	8,61 ^a	8,76 ^a	9,12 ^a	7,91 ^b	7,78 ^b
Lingkar Dada	32,50 ^{ab}	33,32 ^a	31,21 ^b	31,67 ^{ab}	31,87 ^{ab}	31,98 ^{ab}
Lebar Dada	9,36 ^a	8,75 ^{ab}	8,85 ^{ab}	8,82 ^{ab}	8,20 ^{bc}	7,98 ^c
Panjang Skapula	9,00 ^{ab}	9,65 ^a	8,57 ^b	9,22 ^{ab}	8,71 ^b	8,81 ^b
Panjang Tulang Ulna	10,25 ^a	10,81 ^a	10,21 ^a	10,56 ^a	9,50 ^b	9,47 ^b
Panjang Tulang Femur	12,63 ^a	13,02 ^a	13,29 ^a	12,56 ^a	12,96 ^a	12,84 ^a
Panjang Tulang Tibia	14,13 ^a	14,84 ^a	15,00 ^a	14,44 ^a	12,96 ^b	13,19 ^b
Panjang Badan	42,13 ^a	42,21 ^a	42,86 ^a	42,67 ^a	37,58 ^b	38,21 ^b
Lebar Pinggul	11,95 ^a	10,94 ^b	11,25 ^{ab}	11,12 ^{ab}	9,26 ^c	8,97 ^c

Keterangan: Huruf yang berbeda pada satu baris, berbeda nyata ($P < 0,05$).

pertumbuhan anak baik, dan daya adaptasi terhadap suhu dan pakan yang tinggi.

Preferensi masyarakat untuk mengonsumsi daging kelinci saat ini semakin meningkat, hal tersebut terbukti dengan semakin banyaknya permintaan daging kelinci untuk diolah menjadi sate, *tongseng* maupun dendeng kelinci. Menurut Priyanti dan Raharjo (2012) bahwa ketersediaan daging yang berkualitas, diseminasi dan efisiensi produk, efisiensi produksi, dan strategi pemasaran yang tepat dapat mengubah preferensi konsumen untuk mengonsumsi daging kelinci. Dengan semakin meningkatnya permintaan daging kelinci, hal tersebut dapat memberi dorongan yang kuat bagi para peternak untuk membudidayakan kelinci sebagai penghasil daging. Oleh sebab itu, kelinci CC, FF, FN, dan NN diduga relatif lebih disukai peternak karena memiliki ukuran tubuh yang lebih besar dibandingkan dengan kelinci RR dan SS. Lebih lanjut Mailu *et al.* (2014) mengemukakan bahwa karakteristik bangsa mampu menentukan besaran bobot karkas yang dihasilkan.

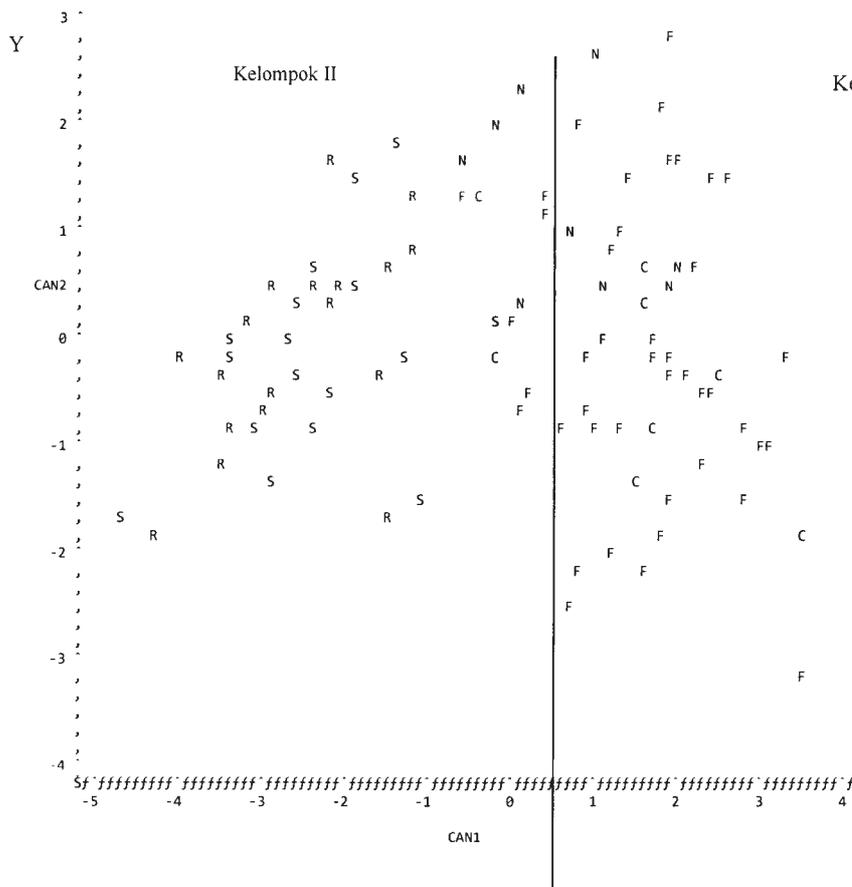
Analisis Diskriminan pada Kelinci

Hasil analisis diskriminan pada kelinci di Balai Penelitian Ternak Ciawi secara morfologi tampak adanya garis pemisah. Pada Gambar 1, tersaji bahwa kelinci *Rex* (R) dan *Satin* (S) mengelompok di sebelah kiri sumbu Y, sedangkan kelinci *Hyla* (CC), *Hycole* (FF),

*Hycole*NZW (FN), dan *New Zealand White* (NN) mengelompok di sebelah kanan sumbu Y. Kelinci CC, FF, FN, dan NN menyebar merata di sebelah kanan sumbu Y (kelompok I). Adapun kelinci RR dan SS menyebar rata disebelah kiri sumbu Y (kelompok II).

Kesamaan bentuk dan ukuran dari kelinci-kelinci di Balai Penelitian Ternak Ciawi dapat dibagi dalam dua kelompok. Kelompok I memiliki ukuran tubuh yang relatif lebih besar yang dapat digunakan sebagai penghasil daging sekaligus dapat dimanfaatkan kulit-rambutnya. Kelompok II memiliki ukuran tubuh yang relatif lebih kecil dan dapat dimanfaatkan sebagai penghasil kulit-rambut dan daging (*dual purpose*) yang terdiri dari kelinci RR dan SS. Menurut Brahmantiyo dan Raharjo (2009) dan Brahmantiyo *et al.* (2010), bahwa produktivitas karkas kelinci *Rex* dan *Satin* cukup baik sehingga dapat dijadikan sebagai kelinci dwiguna yakni penghasil *fur* sekaligus penghasil daging.

Berdasarkan hasil analisis fungsi diskriminan terhadap ukuran-ukuran tubuh antar rumpun kelinci menghasilkan pengelompokan berdasarkan persentase nilai kesamaan dan campuran di dalam rumpun dan antar rumpun sebagaimana disajikan pada Tabel 2. Terlihat bahwa kesamaan ukuran fenotifik yang rendah terdapat dalam rumpun kelinci *Hycole* (FF) sebesar 13,79%, *Hycole*NZW



Gambar 1. Penyebaran rumpun kelinci menurut ukuran fenotifik, kelinci *Hyla* (C), *Hycole* (F), *New Zealand White* (N), *Rex* (R), dan *Satin* (S).

Tabel 2. Persentase nilai kesamaan dan campuran di dalam dan antara rumpun kelinci

Rumpun		CC	FF	FN	NN	RR	SS	Total
CC	n	7	0	0	1	0	0	8
	%	87,50	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	100,00
FF	n	12	4	3	10	0	0	29
	%	41,38	13,79	10,34	34,48	0,00	0,00	100,00
FN	n	5	0	5	4	0	0	14
	%	35,71	0,00	35,71	28,57	0,00	0,00	100,00
NN	n	2	0	3	4	0	0	9
	%	22,22	0,00	33,33	44,44	0,00	0,00	100,00
RR	n	0	0	1	1	1	15	18
	%	0,00	0,00	5,56	5,56	5,56	83,33	100,00
SS	n	1	0	0	2	9	5	17
	%	5,88	0,00	0,00	11,76	52,94	29,41	100,00
Total	n	27	4	12	22	20	20	95
	%	28,42	4,21	12,63	23,16	21,05	21,05	100,00

Keterangan: n = sampel, % = persentase, CC=*Hyla*, FF=*Hycole*, FN=Persilangan F dan N, NN= *New Zealand White*, RR=*Rex* dan SS=*Satin*

(FN) sebesar 35,71%, *New Zealand White* (NN) sebesar 44,44%, *Rex* (RR) sebesar 5,56%, dan *Satin* (SS) sebesar 29,41%. Adapun ukuran fenotifik yang tinggi dalam rumpun terdapat pada kelinci *Hyla* (CC) sebesar 87,50%. Menurut Zita et al. (2012) kelinci *Hyla* yang disapih pada umur 35 hari mampu mencapai bobot hidup sebesar 3.010±246 g pada umur 77 hari dengan pbbh 44,40±5,30 g/hari dan konversi pakan sebesar 3,7 kg.

Hasil penelitian (Tabel 2) mengindi-kasikan bahwa ada dugaan kesamaan pada suatu kelompok yang didasarkan atas ukuran tubuh. Hal ini menunjukkan bahwa antar rumpun kelinci pada wilayah yang sama cenderung memiliki kesamaan morfologi. Menurut Suparyanto et al. (1999) bahwa persamaan fenotifik ukuran tubuh berbagai rumpun kelinci merupakan cerminan dari besarnya campuran kelompok antar rumpun. Lebih lanjut penelitian Daija et al. (2010) menunjukkan bahwa variasi genetik dari kelinci dapat dipengaruhi oleh bangsa kelinci, dan kelinci lokal *albanian* memiliki tingkat pertumbuhan badan yang cukup baik.

Analisis Jarak Genetik

Proses evolusi genetik suatu rumpun ternak telah banyak diamati dan diteliti menggunakan pendekatan analisis morfometrik. Menurut Zhu et al. (2004) penelitian mengenai karakter genetik dapat diteliti dengan menggunakan pendekatan analisis DNA dan proses evolusi genetik tersebut dapat diukur menggunakan pendekatan analisis jarak genetik.

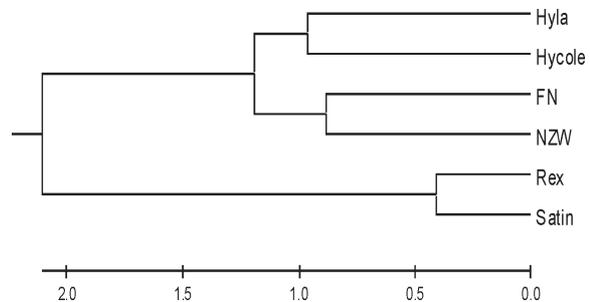
Nilai matriks jarak genetik antar masing-masing rumpun kelinci disajikan pada Tabel 3. Nilai matriks jarak genetik tersebut digunakan untuk membuat pohon fenogram yang disajikan pada Gambar 2. Fungsi dari pohon fenogram yaitu dapat menggambarkan jarak genetik keseluruhan rumpun kelinci.

Berdasarkan nilai jarak genetiknya, kelinci-kelinci *Hyla*, *Hycole*, *New Zealand White* (NZW), dan FN memiliki nilai jarak genetik yang kecil di antara rumpun. Nilai jarak genetik masing-masing sebesar 1,92 (CC-FF); 2,17 (CC-FN); 2,77 (CC-NN); 2,11 (FF-FN); 2,47 (FF-NN); dan 1,77 (FN-NN). Adapun jarak genetik kelinci *Hyla*, *Hycole*, NZW, dan FN dengan kelinci *rex* dan *satin* memiliki jarak genetik yang cukup besar, yaitu sebesar 4,28 (CC-RR); 4,23 (CC-SS); 4,36 (FF-RR); 4,13 (FF-SS); 4,25 (FN-RR); 4,11 (FN-SS); 3,77 (NN-RR); dan 3,54 (NN-SS). Dari hasil matriks dapat dibuat dua kelompok bangsa

Tabel 3. Matriks jarak genetik mahalanobis kelinci di Balai Penelitian Ternak, Ciawi, Bogor

Rumpun	CC	FF	FN	NN	RR	SS
CC		1,92	2,17	2,77	4,28	4,23
FF			2,11	2,47	4,36	4,13
FN				1,77	4,25	4,11
NN					3,77	3,54
RR						0,82
SS						

Keterangan: CC = *Hyla*, FF = *Hycole*, FN = FN, NZW = *New Zealand White*, RR = *Rex*, dan SS = *Satin*



Gambar 2. Pohon fenogram dari enam rumpun kelinci
Hyla = CC, *Hycole* = FF, FN = FN, *New Zealand White* (NN), *Rex* (RR), dan *Satin* (SS)

kelinci yang memiliki kedekatan jarak genetik, yaitu kelompok kelinci CC, FF, FN, dan NN dan kelompok kelinci RR dan SS. Kurnianto et al. (2013) melaporkan bahwa pada kambing, berdasarkan jarak genetiknya, bangsa kambing dibagi menjadi dua kelompok, yaitu pada kelompok pertama adalah kambing kejobong, jawarandu, dan etawa dan kelompok lainnya adalah kambing kacang.

Berdasarkan konstruksi pohon fenogram menunjukkan bahwa kelinci CC (*Hyla*) dan FF (*Hycole*) serta kelinci FN dan NN memiliki ukuran jarak genetik yang cukup dekat yaitu masing-masing sebesar 1,92 dan 1,77 yang menunjukkan bahwa diduga telah terjadi persilangan antar kelinci tersebut. Hasil penelitian Mariandayani et al. (2013) menunjukkan bahwa adanya nilai campuran dan jarak genetik yang dekat melalui analisis morfometrik antara ayam kedu, ayam kampung,

dan ayam sentul diduga akibat telah terjadinya persilangan di antara ayam tersebut.

Berdasarkan nilai tersebut, jika dilakukan persilangan antara rumpun kelinci yang cukup dekat jarak genetiknya maka kemajuan ukuran kuantitatif dari hasil persilangan tersebut kurang optimal dan baik jika tidak disertai seleksi yang ketat. Hal ini disebabkan karena sifat heterosis yang diperoleh dari hasil persilangan hanya didapatkan dari keragaman dalam rumpun.

Jarak genetik terjauh terdapat pada kelinci FF (*Hycole*) dan kelinci RR (*Rex*) yaitu sejauh 4,36. Menurut Keliang *et al.* (2008); dan Galal *et al.* (2013), bahwa analisis pohon fenogram dapat digunakan untuk mengukur variasi genetik dan hubungan *phylogenetic* di antara genotip kelinci. Lebih lanjut menurut Yang *et al.* (2013) bahwa analisis pohon fenogram dapat digunakan untuk mengukur variasi genetik ternak kuda, kerbau, sapi, kelinci, dan kangguru. Berdasarkan pohon fenogram, kelinci CC (*Hyla*), FF (*Hycole*), FN dan *New Zealand White* (NZW) (jarak genetik yang hampir sama) cukup potensial untuk dilakukan persilangan dengan kelinci RR (*Rex*) dan SS (*Satin*) (jarak genetik hampir sama) untuk menghasilkan kelinci dengan ukuran kuantitatif yang optimal dan mengesankan karena jarak genetiknya yang cukup jauh.

Analisis Kanonik

Penentuan faktor pembeda di antara rumpun kelinci di Balai Penelitian Ternak, Ciawi, Bogor menggunakan analisis kanonik. Berdasarkan hasil analisis kanonik teramati bahwa hanya pada kanonik satu yang mempunyai korelasi cukup tinggi antara skor komponen utama dengan dengan peubah ukuran-ukuran tubuh. Skor struktur total kanonik disajikan pada Tabel 4.

Berdasarkan Tabel 4 dapat diketahui bahwa nilai total struktur kanonik pertama dan kanonik kedua, lebar kepala (0,66), panjang telinga (0,71), panjang tulang ulna (0,61), panjang tulang tibia (0,65), panjang badan (0,64), dan lebar pinggul (0,71) pada kanonik pertama dapat dipergunakan sebagai peubah pembeda dari kelinci *Hyla*, *Hycole*, *New Zealand White*, persilangan *Hycole* dan *New Zealand White*, *Rex*, dan *Satin* dengan nilai total struktur kanonik positif yang relatif tinggi. Peubah dengan nilai kanonik tinggi dapat digunakan untuk menduga performans dari karkas kelinci. Hal tersebut sesuai dengan Ogah

et al. (2012) bahwa performans karkas kelinci dapat diduga dari bobot badan dan ukuran-ukuran morfometrik panjang badan, lingkardada, dan panjang telinga.

Persilangan antar kelinci dilakukan dengan tujuan untuk mengatasi ketiadaan rumpun kelinci yang sejenis atau menginginkan keunggulan dengan munculnya sifat heterosis akibat gen-gen yang berkomplemen. Hasil penelitian Dorota *et al.* (2009) menunjukkan bahwa persilangan antara kelinci *New Zealand White* jantan dan kelinci *Californian* betina mampu memberikan pengaruh optimal pada bobot badan, konsumsi pakan, persentasi rambut kelinci, dan pematangan karkas. Adanya campuran kelinci yang ada di Balai Penelitian Ternak Ciawi yang merupakan kelinci tipe medium seperti kelinci *Rex* dan *Satin* yang dikembangkan dengan tujuan sebagai penghasil kulit-rambut dan daging serta tatalaksana pemeliharaannya menggunakan perlakuan yang sama

Jarak genetik pada rumpun kelinci yang diamati dapat dilihat dari ukuran fenotipiknya. Kelinci *Rex* (RR) dan *Satin* (SS) terpisah jauh jarak genetiknya dengan kelinci *Hyla* (CC), *Hycole* (FF), FN, dan *New Zealand White* (NN) yang menunjukkan bahwa kelinci-kelinci tersebut tidak memiliki hubungan kekerabatan dalam rumpun tersebut. Menurut Wendy *et al.* (2010) dan Alda dan Diadrio (2014) bahwa

Tabel 4. Total Struktur Kanonik

Ukuran Morfometrik	Kanonik 1	Kanonik 2
Panjang Kepala (cm)	-0,10	-0,60
Lebar Kepala (cm)	0,66	0,13
Tinggi Kepala (cm)	0,36	0,53
Panjang Telinga (cm)	0,71	-0,07
Lebar Telinga (cm)	0,49	-0,04
Dalam Dada (cm)	0,52	0,29
Lingkar Dada (cm)	0,17	-0,51
Lebar Dada (cm)	0,45	0,10
Panjang Tulang Skapula (cm)	0,27	-0,41
Panjang Tulang Ulna (cm)	0,61	-0,16
Panjang Tulang Femur (cm)	0,04	0,01
Panjang Tulang Tibia (cm)	0,65	0,19
Panjang Badan (cm)	0,64	0,17
Lebar Pinggul (cm)	0,71	-0,10

struktur genetik pada hubungan kekerabatan dalam rumpun kelinci dapat dipengaruhi oleh lokasi dan jarak yang jauh. Adapun peubah yang relatif valid untuk menduga pembeda morfologi tubuh kelinci berdasarkan analisis kanonik dalam penelitian ini yaitu lebar kepala, panjang telinga, panjang tulang ulna, panjang tulang tibia, panjang badan, dan lebar pinggul.

SIMPULAN

Ukuran fenotifik kelinci *Hyla*, *Hycole*, *Hycorex NZW*, dan *NZW* relatif berbeda dengan kelinci *Rex* dan *Satin*. Ukuran fenotifik juga dapat digunakan untuk mengukur jarak genetik rumpun kelinci yang diamati. Kelinci *Hyla*, *Hycole*, *Hycorex NZW*, dan *NZW* terpisah jauh jarak genetiknya dengan kelinci *Rex* dan *Satin* yang berarti tidak adanya kekerabatan antar rumpun kelinci tersebut. Peubah penduga pembeda morfologi tubuh kelinci dapat menggunakan lebar kepala, panjang telinga, panjang tulang ulna, panjang tulang tibia, panjang badan, dan lebar pinggul.

SARAN

Diperlukan kajian lebih lanjut mengenai pengukuran kekerabatan rumpun-rumpun kelinci pada daerah asal ternak kelinci dengan ukuran morfologi dan jumlah ulangan yang lebih banyak.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Kepala Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan yang telah memberikan ijin penelitian dan kepada Kepala Balai Penelitian Ternak, Ciawi, Bogor yang telah memfasilitasi kegiatan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Alda F, Doadrio I. 2014. Spatial Genetic Structure Across a Hybrid Zone between European Rabbit Subspecies. *Peer J* 2: e582. Doi. 10.7717/peerj.582.
- Brahmantiyo B, Martojo H, Mansjoer SS, dan Raharjo YC. 2006. Pendugaan Jarak Genetik Kelinci Melalui Analisis Morfometrik. *Jurnal Ilmu Peternakan dan Veteriner* 11(3): 206–214.
- Brahmantiyo B, Raharjo YC. 2009. Karakteristik Karkas dan Potongan Komersial Kelinci Rex dan Satin. Prosiding Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner 13 – 14 Agustus 2009 Bogor Indonesia. Hlm. 688 – 692.
- Brahmantiyo B, Raharjo YC, Martojo H, Mansjoer SS. 2010. Performa Produksi Kelinci Rex, Satin dan Persilangannya. *Jurnal Ilmu Peternakan dan Veteriner* 15 (2): 131–137.
- Daija A, Papa L, Kume K. 2010. Local Differentiation of Albanian Rabbit Populations. *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty* 7 (2): 187–190.
- Dalle ZA, Paci G, Sartori A. 2012. Morphometric Characteristics of Dwarf Rabbits: Effects of Age and Gender. Proceedings 10 th World Rabbit Congress-September 3-6, 2012 Sharm El-Sheikh, Egypt. Hlm. 843–746.
- Dorota M, Bieniek J, Lapa P, Sternstein I. 2009. The Effect of Crossing New Zealand White with Californian Rabbits on Growth and Slaughter Traits. *Archives Animal Breeding Journal* 52(2): 2005–2011.
- Farag FM, Elayat MA, Wally YR, Elkarmoty AF. 2012. Morphometric Studies on the Spinal Cord Segments of the Domestic Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Journal of Veterinary Anatomy* 5(2): 33–47.
- Galal OA, Rehan M, Abd El-Karim RE. 2013. Analysis of Genetic Diversity within and among Four Rabbit Genotypes using Biochemical and Molecular Genetic Markers. *African Journal of Biotechnology* 12(20): 2830–2839. Doi: 10.5897/AJB2013.12332.
- Keliang R, Yanping L, Dongchang H, Xinsheng W, PingZ, Quanzhong L, Lijun Z, Shenghua Z, Liang C. 2008. Study on Relationship of Rex Rabbit RAPD Marker and Reproductive Performances. Proceedings 9th World Rabbit Congress-June 10-13, 2008 Verona-Italy. Hlm. 239–242.

- Kumar S, Tamura K, Jakobsen IB, Nei M. 2001. *MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Software*. Tempe, Arizona. Arizona State University USA.
- Kurnianto E, Sutopo S, Purbowati E, Setiatin ET, Samsudewa D, Permatasari T. 2013. Multivariate Analysis of Morphological Traits of Local Goats in Central Java, Indonesia. *Iranian Journal of Applied Animal Science* 3(2): 361–367.
- Mailu SK, Wanyoike M, Serem JK, Gachuri CK. 2014. Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) Breed Characteristics, Farmer Objectives and Preferences in Kenya: A Correspondence Analysis. *Journal of Agriculture and Food Sciences* 2(4): 118–125.
- Mariandayani HN, Solihin DD, Sulandari S, Sumantri C. 2013. Keragaman Fenotipik dan Pendugaan Jarak Genetik pada Ayam Lokal dan Ayam Broiler Menggunakan Analisis Morfologi. *Jurnal Veteriner* 14(4): 475–484.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetic*. Columbia. Columbia University Press. USA.
- Ogah DM, Musa-Azara IS, Alaku AI, Ari MM. 2012. Canonical Correlation Analysis of Body Measurements and Carcass Traits of Cross Breed Rabbit Population. Proceedings 10th World Rabbit Congress-September 3-6 Sharm El-Sheikh Egypt. Hlm. 207–2010.
- Priyanti A, Raharjo YC. 2012. Market Driving to Develop Rabbit Meat Products in Indonesia. *Wartazoa* 22(3): 99–106.
- Raharjo YC, Gultom D, Iskandar S, Prasetyo LH. 2001. Peningkatan produktivitas, mutu produk dan nilai ekonomi kelinci eksotis melalui pemuliaan dan nutrisi. laporan hasil penelitian. Balitnak bekerjasama dengan Badan Litbang Pertanian, proyek Pembinaan Kelembagaan Penelitian dan Pengembangan Pertanian/ARMP-II. Bogor.
- Statistical Analytical System (SAS). 1997. *SAS/STAT Guide for Personal Computer*. Ver. 6.12. SAS Institute Inc. Cary. NC.
- Suparyanto A, Purwadarja T, Subandriyo. 1999. Pendugaan jarak genetik dan faktor peubah pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui Pendekatan Analisis Morfologi. *Jurnal Ilmu Peternakan dan Veteriner* 4(2): 80-87.
- Tablado Z, Revilla E. 2012. Contrasting Effects of Climate Change on Rabbit Populations through Reproduction. *Plos One* 7(11): e48988. doi: 10.1371/journal.pone.0048988.
- Wendy EZ, Rachlow JL, Waits LP, Warheit KI. 2010. Dispersal, Gene Flow, and Population Genetic Structure in the Pygmy Rabbit (*Brachylagus idahoensis*). *Journal of Mammalogy* 91(1): 208–219.
- Yang W, Kang X, Yang Q, Lin Y, Fang M. 2013. Review on the Development of Genotyping Methods for Assessing Farm Animal Diversity. *Journal of Animal Science and Biotechnology* 4(2): 1–6. Doi.10.1186/2049-1891-4-2.
- Zhu YF, Zhang ZB, Ren WZ, Wang YZ. 2004. Genetics variation within and among five rabbit population using microsatelite markers. Proceeding 8th World Rabbit Congress-September 7-10, 2004 Puebla, Mexico. Hlm. 181–185.
- Zita L, Ledvinka Z, Mach K, Kocar J, Klesalova L, Fucikova A, Hartlova H. 2012. The Effect of Different Weaning Ages on Performance in Hyla Rabbits. Proceedings 10th World Rabbits Congress-September 3-6, 2012 Sharm El-Sheikh, Egypt. Hlm. 61–64.