

Sidik Jari DNA dan Fenotipe pada Populasi Kambing *Gembrong* dengan Status Kritis di Karangasem, Bali

(DNA FINGERPRINT AND PHENOTYPE ON THE CRITICAL POPULATION STATUS OF GEMBRONG GOAT IN KARANGASEM REGENCY, BALI)

Moch Syamsul Arifin Zein, Sri Sulandari

Pusat Penelitian Biologi-LIPI, Cibinong Science Center,
Jl. Raya Jakarta-Bogor Km 46, Cibinong
Telp.: 021.8765056; e-mail: zein_genetic@yahoo.com

ABSTRACT

Gembrong goat is animal genetic resources which endemic in Bali island and only exists in Karangasem regency. The current population status of the *gembrong* goat is critical. Therefore, the population development of *in-situ* or *ex-situ* needs to be conducted. Close relative mating tend to occur in conditions such as in a small population, critical status or limited distribution. Low degree of genetic variability is often found in such conditions. Mating arrangements based on DNA data of fingerprint was developed in this study to avoid mating between close relatives (inbreeding). Pedigree detection was analyzed using fifteen (15) microsatellite markers as recommended by ISAP/FAO. The results showed that polymorphic alleles found in the microsatellite markers of SRCRSP3, ILSTS005, MCM527 (4 alleles), followed BM1818 (3 alleles), and ILSTS029, BMS1494, MAF035, OARFCB20, OARE54, MAF70, ILSTS11, ETH10 (2 alleles). Monomorphic allele (1 allele) was also found in microsatellite markers of SPS113, CSRSD247, INRA0132. DNA fingerprint of the *gembrong* goat population was created by genetic distance between individuals, and indicated six clades / haplogroups. It is suggested from this study that mating arrangements between different clades should be applied to increase genetic diversity. Description of morphologies such as hair color and body size, were used as basic considerations in determining the authenticity of *gembrong* goat. Among the population of *gembrong* goat in this study, hair color of the goat showed white (78.95%), a mixture of light brown and white (15.79%), and a mixture of brown and black (5.26%). *Gembrong* goat body size in this study was still in the range of the previous studies. The analysis results of DNA fingerprints and phenotypes can be used as a basis for rescue and development of *gembrong* goats, in an attempt to form a large gene pool with high viability for the conservation, development and sustainable uses.

Key words : *gembrong* goat, critical status, DNA fingerprint, clade/haplogroup, fenotype

ABSTRAK

Kambing *gembrong* merupakan plasma nutfah Pulau Bali yang hanya ada di Kabupaten Karangasem. Status populasi kambing *gembrong* saat ini adalah kritis. Oleh sebab itu pengembangan populasi secara *in-situ* atau *ex-situ* perlu dilakukan. Populasi kecil, status kritis, dan distribusi sangat terbatas cenderung akan terjadi perkawinan keluarga dekat. Akibatnya terjadi penurunan derajat keragaman genetik, performan secara fisik maupun fisiologi, dan kebugaran ternak yang cenderung tidak tahan terhadap terjadinya perubahan lingkungan. Oleh sebab itu perlu dilakukan pengaturan perkawinan berbasis silsilah. Deteksi silsilah dengan metode analisis DNA sidik jari yang dilakukan dengan 15 *marker* mikrosatelit berdasar rekomendasi ISAP/FAO. Hasil analisis menunjukkan alel polimorfik terdapat pada *marker* mikrosatelit SRCRSP3, ILSTS005, MCM527 (4 alel), BM1818 (3 alel), ILSTS029, BMS1494, MAF035, OARFCB20, OARE54, MAF70, ILSTS11, ETH10 (2 alel), dan alel monomorfik pada *marker* mikrosatelit SPS113, CSRSD247, INRA0132 (1 alel). Silsilah dari populasi kambing *gembrong* dibuat berdasarkan jarak genetik antar individu dan diketahui terdapat enam *clade/haplogroup*. Perkawinan dapat dilakukan antara jantan dan betina dari *clade* yang berbeda. Dalam jangka panjang derajat keragaman genetik dapat meningkat untuk memperbaiki performan ternak. Hasil diskripsi fenotipe menunjukkan warna rambut kambing *gembrong* adalah putih (78,95%), campuran coklat muda dan putih (15,79%), dan campuran coklat dan hitam (5,26%). Ukuran tubuh kambing *gembrong* pada penelitian ini masih berada pada kisaran penelitian sebelumnya. Hasil analisis DNA sidik jari dan fenotipe dapat digunakan sebagai dasar penyelamatan dan pengembangan kambing *gembrong* dalam usaha membentuk *gen pool* yang besar dengan viabilitas tinggi untuk konservasi, pengembangan, dan pemanfaatan secara berkelanjutan.

Kata-kata kunci : kambing *gembrong*, status kritis, DNA sidik jari, clade/haplogroup, fenotipe

PENDAHULUAN

Kambing *gembrong* merupakan plasma nutfah Bali, terutama di Kabupaten Karangasem. Sifat khas kambing jantan memiliki rambut panjang sekitar 15-25 cm dan rambut kepala menutupi bagian muka dan telinga, sedangkan kambing betina berbulu pendek sekitar 2-3 cm. Warna rambut dominan adalah berwarna putih, kemudian warna coklat hingga coklat muda, atau percampuran warna dari ketiga warna tersebut. Menurut Mahmilia *et al.*, (2004) status populasi kambing *gembrong* masuk dalam katagori terancam. Oleh sebab itu harus dilestarikan secara *in-situ* atau *ex-situ*.

Populasi kambing *gembrong* cenderung turun, hal ini dapat dilihat dari laporan Brandy (1996) hanya menjumpai 120 ekor yang tersebar di berbagai tempat di Kabupaten Karangasem. Survei yang dilakukan Yayasan Prinawisa menjumpai sekitar 64 ekor kambing *gembrong* (Widiyazid *et al.*, 1997). Pada bulan Maret tahun 2013 saat survey populasi kambing *gembrong* di Kabupaten Karangasem hanya menemukan 20 ekor yang berada di bawah pengawasan Balai Pengkajian Teknologi Pertanian (BPTP) Bali yang dipelihara oleh kelompok Tani di Desa Tumbu dan satu ekor ditemui di Desa Bugbug, Karangasem. Berdasarkan skema identifikasi klasifikasi rumpun dan populasi ternak dalam hubungan dengan pelestarian yang dikeluarkan oleh *Board on Agriculture National Research Council* (1993), menyatakan bahwa jika jumlah populasi rumpun ternak dewasa (*breeding female*) betina kurang atau sama dengan 100 ekor dan jumlah ternak jantan dewasa (*breeding male*) kurang atau sama dengan lima ekor, maka status populasi ternak tersebut kritis. Berarti status populasi kambing *gembrong* saat ini di Kabupaten Karangasem, Bali adalah kritis.

Tingkat kehilangan rumpun ternak lokal paling tinggi saat ini dijumpai di negara-negara berkembang (FAO, 2007) termasuk di Indonesia. Oleh sebab itu populasi kambing *gembrong* perlu diselamatkan karena merupakan salah satu plasma nutfah kebanggaan Indonesia. Karakter genetik dan morfologi yang telah terbentuk dari setiap rumpun mempunyai gen kombinasi yang unik karena proses adaptasi pada beberapa lingkungan yang berbeda (Ponzoni, 1997). Kombinasi ini dapat dibagi menjadi banyak populasi rumpun ternak yang sulit untuk dibentuk lagi. Oleh sebab itu kehilangan rumpun ternak merupakan kerugian besar bagi

masyarakat, bangsa, dan negara terutama bagi anak cucu kita di kemudian hari.

Populasi ternak kecil dengan status kritis dan distribusi populasi ternak yang sangat terbatas, cenderung akan terjadi perkawinan antar kerabat berdekatan. Hasil kajian DNA molekuler dengan menggunakan marker mikrosatelit menunjukkan heterozigositas kambing *gembrong* sangat rendah (Zein *et al.*, 2012). Heterozigositas merupakan indikator penting untuk mendapatkan gambaran variabilitas genetik dari suatu populasi. Hal tersebut dapat mengetahui tingkat polimorfisme alel dan tren genetik populasi di masa depan (Falconer dan Macay, 1996). Nilai heterozigositas juga dapat digunakan sebagai sarana untuk menyimpulkan nilai koefisien *inbreeding* dalam suatu populasi (Hartl dan Clark, 1997). Secara umum, nilai heterozigositas sebagai indikator yang baik dalam menjelaskan keragaman genetik populasi ternak (Moioli *et al.*, 2004).

Seperti diketahui bahwa keragaman genetik yang rendah dapat mengakibatkan terjadinya penurunan *performans* ternak secara fisik maupun fisiologi. Akibatnya terjadi penurunan kebugaran ternak yang cenderung tidak tahan terhadap terjadinya perubahan lingkungan. Turunnya keragaman genetik dari suatu populasi dalam penangkaran, dapat dikurangi melalui perkawinan antar individu yang memiliki tingkat kerabat jauh. Oleh sebab itu perlu intervensi teknologi DNA molekuler dalam usaha meningkatkan populasi kambing *gembrong*. Deteksi silsilah dengan DNA sidik jari dapat dilakukan terhadap sisa populasi dalam penangkaran, sebagai upaya mengatur perkawinan antar kerabat yang berjauhan.

Mikrosatelit adalah penanda DNA yang dapat digunakan untuk mendeteksi silsilah pada suatu populasi yang tidak diketahui asal usulnya. *Marker* tersebut dapat digunakan dalam berbagai aplikasi seperti *linkage analysis*, *paternity testing*, populasi, dan evolusi genetik (Ellegren *et al.*, 1997). Selain itu, *marker* mikrosatelit merupakan alat utama yang digunakan dalam melakukan evaluasi hubungan kekerabatan di antara rumpun (Buchanan *et al.*, 1994). Silsilah yang terbentuk dari hasil analisis sidik jari DNA dilengkapi jarak genetik antar individu berupa pohon filogeni, dan dendogram yang terbentuk menunjukkan hubungan kekerabatan (geneologi) antar individu. Perkawinan antar

individu ternak akan dilakukan antar jantan dan betina dari *clade/haplogroup* yang berbeda. Pengaturan perkawinan demikian akan meningkatkan keragaman genetik pada keturunan kambing *gembrong* dalam penangkaran. Perkawinan berbasis silsilah ini dilakukan secara sistematis dan berkesinambungan sampai terjadi peningkatan populasi serta membentuk *gen pool* yang besar. Li *et al.*, (2008) menyatakan bahwa *gene pool* yang besar sangat penting untuk pembibitan, pelestarian, dan pengembangan sistem produksi ternak berkelanjutan. Selain itu, karakter fenotipe digunakan sebagai dasar pertimbangan dalam menentukan keaslian kambing *gembrong*. Kombinasi genetik dan fenotipe diharapkan menghasilkan kambing *gembrong* yang asli dengan performan dan viabilitas tinggi.

METODE PENELITIAN

Sampel Penelitian

Sebanyak 19 individu kambing *gembrong* digunakan dalam penelitian ini. Koleksi sampel darah dan pengambilan data fenotipe dilakukan di Desa Bugbug Kelod (S:08°29'484" ;E:115°35'266"; Elevasi= 63,70 meter dpl.) dan Banjar Kaler (S:08°29'633" ;E:115°35'394"; Elevasi= 56,39 meter dpl.), Kecamatan Karangasem, Kabupaten Karangasem, Propinsi Bali. Sampel darah dikoleksi dan diawetkan dengan menggunakan *magic buffer* berisi komponen antikoagulan, antijamur, dan antibakteri. Sampel darah dicampur larutan pengawet dengan perbandingan 1:1 dan disimpan dalam suhu kamar untuk diproses lebih lanjut.

Karakterisasi Fenotipik

Diskripsi warna rambut secara umum dilakukan pada populasi kambing *gembrong* di Kecamatan Karangasem. Setiap individu kambing *gembrong* diambil foto dari berbagai sisi sebagai bahan kajian. Selain itu dilakukan pengukuran fenotipe meliputi: tinggi pundak (TP), dalam dada (DD), panjang badan (PB), lebar dada (LD), panjang pantat (PP), lebar pantat (LP), panjang tengkorak (PT), lebar tengkorak (LT), lingkaran dada (LD), lingkaran pergelangan kaki (LPK), bobot badan (BB) (Herrera *et al.*, 1996). Data fenotipe ini, digunakan sebagai dasar penentuan kemurnian kambing *gembrong* dan dalam rangka mengatur perkawinan berdasarkan ukuran

tubuh dan warna rambut yang menjadi ciri khas kambing *gembrong*.

Ekstraksi DNA

Kegiatan ekstraksi DNA dilakukan dengan metoda *salting out* di Laboratorium Genetika, Bidang Zoologi-Pusat Penelitian Biologi-LIPI. Proses ekstraksi DNA dilakukan dengan mengambil campuran sampel darah yang telah diawetkan dengan *magic buffer* sebanyak 700 μ L kemudian ditambah H₂O dengan volume yang sama, *divortex* hingga homogen dan disentrifus 10.000 rpm. Supernatan dibuang, selanjutnya penghancuran protein dilakukan dengan ditambah bufer lisis dan enzim proteinase K. Proses berikutnya dilakukan pencucian dengan kloroform dan alkohol seperti metode yang dilakukan Sambrook *et al.*, (1989) dan hasil ekstraksi DNA disimpan di dalam *freezer* sampai diproses lebih lanjut.

Analisis Genotiping

Analisis *genotiping* dilakukan menggunakan 15 *marker* mikrosatelit khusus kambing yang direkomendasikan oleh ISAG/FAO (2004). *Marker* tersebut yaitu: MAF035, ILSTS029, BMS1494, SPS113, MCM527, BM1818, OARFCB20, OARAE54, ILSTS005, SRCRSP3, INRA0132, CSRD247, MAF70, ETH10, dan ILSTS11. Informasi secara lengkap 15 *marker* mikrosatelit ini disajikan pada Tabel 1.

Reaksi PCR sebanyak 10 μ L terdiri dari 40 ng/ μ L sampel DNA, primer maju dan balik masing-masing 4 ng/ μ L, 1xPCR bufer, MgCl₂ (Tabel 1), 0,125 mM dNTPs, 0.03 U/ μ L Taq DNA polymerase, dan dH₂O. Kondisi PCR meliputi denaturasi awal pada suhu 95°C selama lima menit, kemudian dilanjutkan 35 siklus, yaitu denaturasi pada suhu 95°C selama 30 detik, suhu penempelan primer (Tabel 1) selama satu menit dan suhu pemanjangan pada 72°C selama satu menit, setelah itu suhu akhir pemanjangan pada 72°C selama 10 menit.

Visualisasi produk PCR dilakukan dengan teknik *multiplex* dan setiap tabung reaksi diisi dengan tiga produk PCR. Masing-masing produk PCR mempunyai panjang fragmen yang relatif tidak tumpang tindih dan label perwarna *marker* yang berbeda (Hex, Ned, dan 6Fam). Prosedur yang dilakukan adalah dengan mencampur hingga homogen larutan yang terdiri dari 1 μ L masing-masing produk PCR, 0,25 μ L *Liz standard*, dan 7,75 μ L formamide, kemudian disentrifugasi dengan kecepatan 3000 rpm selama dua menit pada temperatur 4°C. Setelah

Table 1. Sekuen, pewarna, dan suhu penempelan primer yang digunakan untuk amplifikasi fragmen DNA mikrosatelit secara *multiplex* dengan 15 marker yang direkomendasi ISAG/FAO (2004)

Marker	Sekuen Primer Fragmen DNA	Label Primer	Suhu <i>Anneling</i>	MgCl ₂	Kisaran panjang
MAF035	F" TCAAGAATTTTGGAGCACAATTCTGG" R" AGTTACAAATGCAAGCATAACCTG	Ned (kuning)	55°C	2,0 mM	90-130
ILSTS029	F" TGT TTTGATGGAACACAG" R" TGGATTTAGACCAGGGTTGG"	6 Fam (biru)	55 °C	2,0 mM	135-185
BMS1494	F" TCTGGAGCTTGCAAAAGACC" R" AATGGATGACTCCTGGATGG"	Hex (hijau)	55°C	2,0 mM	235-300
SPS113	F" CCTCCACACAGGCTTCTCTGACTT" R" CCTAACTTGCTTGAGTTATTGCC"	6Fam (biru)	58°C	2,0 mM	125-170
MCM527	F" GTCCATTGCCCTCAAATCAATTC" R" AAACCACTTGACTACTCCCCAA"	Hex (hijau)	58°C	2,0 mM	155-195
BM1818	F" AGCTGGGAATATAACCAAAGG" R" AGTGCTTTCAAGGTCCATGC"	Ned (kuning)	55°C	2,0 mM	240-310
OARFCB20	F" GGAAAACCCCATATATACCTATAC" R" AAATGTGTTTAAGATTCCATACATGTG"	6Fam (biru)	55°C	2,0 mM	80-130
OARAE54	F" TACTAAAGAAACATGAAGCTCCCA" R" GGAAACATTTATTCTTATTCTCAGTG"	Hex (hijau)	55 °C	2,0 mM	105-145
ILSTS005	F" GGAAGCAATGAAATCTATAGCC" R" TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC"	Ned (kuning)	55°C	2,0mM	160-230
SRCRSP3	F" CGGGGATCTGTTCTATGAAC" R" TGATTAGCTGGCTGAATGTCC"	6Fam (biru)	55°C	2,0 mM	95-135
INRA0132	F" AACATTTT CAGCTGATGGTGGC" R" TTCTGTTTTGAGTGGTAAGCTG"	Hex (hijau)	58 °C	1,5 mM	125-175
CSRD247	F" GGAAGCAATGAAATCTATAGCC" R" CACTGTGGTTTGTATTAGTCAGG"	Ned (kuning)	58 °C	2,0 mM	210-260
MAF70	F" CACGGAGTCACAAAGAGTCAGACC" R" GCAGGACTCTACGGGGCCTTTGC"	6Fam(biru)	65 °C	2,0 mM	120-190
ETH10	F" GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA" R" CCTCCAGCCCACCTTCTCTCTC"	Ned (kuning)	53 °C	1,5 mM	190-220
ILSTS11	F" GCTTGCTACATGGAAAGTGC" R" AAACCACTTGACTACTCCCCAA"	Hex (hijau)	58 °C	2,0 mM	250-300

itu dilakukan denaturasi pada suhu 94°C selama lima menit, langsung didinginkan di kotak es dan dibiarkan selama sekitar lima menit. Campuran larutan tersebut siap dianalisis dengan menggunakan mesin tipe ABI3130XL *automated capillary DNA sequencer* (Applied Biosystems, USA). Editing hasil grafik fragmen mikrosatelit DNA dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak *GenMapper* Versi 4.0.

Analisis Data

Determinasi variasi genetik dalam populasi kambing meliputi frekuensi alel yang dihitung sebagai berikut :

$$x_i = \frac{2n_{ij} + n_i}{2n}$$

Keterangan :

n = jumlah individu dalam populasi sampel

n_i = jumlah homozigot untuk aleli

n_{ij} = jumlah heterozigot

Jarak genetik dan konstruksi pohon filogeni dengan UPGMA dikalkulasi dengan menggunakan perangkat lunak GENETOP versi 3.2. (Raymond dan Rousset, 2001).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakterisasi Fenotipe

Hasil diskripsi warna rambut terhadap 19 individu kambing *gembrong* yang diamati di Desa Bugbug Klod dan Banjar Kaler, Kecamatan Karangasem, yaitu berwarna putih 78,95%, campuran coklat muda dan putih 15,79%, dan campuran coklat dan hitam 5,26%. Warna rambut yang dilaporkan sebelumnya terdiri dari putih 61,5%, coklat muda 23,08%, dan coklat 15,38%. Pola warna, yaitu satu warna 69,23%, dua warna 15,38%, dan tiga warna 15,38% (Batubara *et al.*, 2006). Warna putih, coklat muda, dan coklat serta kombinasi dari ketiga warna ini merupakan warna dari kambing *gembrong*, sedangkan kombinasi warna coklat tua dan hitam belum pernah dilaporkan. Penelitian ini menemukan hanya satu kambing kombinasi coklat tua dan hitam. Pengembangan kambing *gembrong* di masa lalu cenderung berwarna putih dan coklat muda atau kombinasi keduanya, karena masyarakat menggunakan rambut kambing yang berkilau untuk digunakan sebagai umpan dalam memancing ikan dan mempunyai nilai jual yang tinggi. Oleh sebab itu penyelamatan populasi harus berdasarkan ciri khas kombinasi ketiga warna tersebut dan warna putih paling dominan, serta mempunyai rambut kepala yang panjang sebagai ciri khas kambing *gembrong*.

Kambing *gembrong* secara turun temurun dikembangkan di Kabupaten Karangasem dan merupakan daerah dataran rendah. Seperti populasi sisa yang ada di Desa Bugbug Kelod (S:08°29'484" ;E:115°35'266"; Elevasi= 63,70 meter dpl.) dan Banjar Kaler (S:08°29'633" ;E:115°35'394"; Elevasi= 56,39 meter dpl.). Seperti diketahui bahwa produksi ternak merupakan hasil interaksi antara genotipe dan faktor lingkungan seperti iklim, nutrisi, penyakit, dan pengelolaan (Sondiq dan Tawfik, 2003). Faktor adaptasi kambing *gembrong* terhadap lingkungan dataran rendah harus menjadi dasar pertimbangan pengembangan, walaupun diketahui nenek moyang kambing berasal dari pegunungan Asia Barat dan domestikasi terjadi sekitar 7000-8000 tahun sebelum Masehi. Hasil domestikasi tersebut kemudian menyebar ke berbagai tempat dan beradaptasi dengan lingkungan setempat sehingga menghasilkan berbagai rumpun yang dikenal saat ini, termasuk yang berkembang di Kabupaten Karangasem, Bali, yaitu kambing *gembrong*.

Ukuran tubuh utama kambing *gembrong* dari populasi yang tersisa ini dilakukan dan dibandingkan dengan penelitian sebelumnya. Rataan panjang badan pada penelitian ini yaitu betina 57,64±5,71 cm dan jantan 65,00±7,55 cm. Angka ini lebih rendah dari laporan Mahmilia *et al.*, (2004) yang dilakukan dari populasi kambing *gembrong* di penangkaran *ex-situ* di Loka Penelitian Kambing Potong Sei Putih, panjang badan betina dewasa 62,6±1,14 cm dan jantan dewasa 71,5± 0,71 cm. Namun, hasil penelitian ini lebih tinggi dari laporan Setiadi *et al.*, (2000) yaitu betina dewasa 50,02±6,34 cm dan jantan 64,56±9,12 cm.

Rataan tinggi pundak betina 53,91±4,74 cm dan jantan 57,67±5,69 cm. Angka ini lebih rendah dari laporan Mahmilia *et al.*, (2004), yaitu betina 64,2±4,55 cm dan jantan 66,00±7,07 cm. Hasil pengukuran lingkaran dada pada betina 64,45±5,45 cm dan jantan 71,33±7,57 cm, sedangkan Mahmilia *et al.*, (2004) melaporkan lebih tinggi yaitu pada betina 70,9±3,47 cm dan jantan 76,5±0,71 cm, namun hasil pengukuran Setiadi *et al.*, (2000) tercatat pada betina 64,12±3,40 cm sama dengan penelitian ini dan ukuran jantan sedikit lebih tinggi yaitu 75,72±8,12 cm. Lebar dada tercatat pada betina 13,73±1,21 cm dan jantan 16,00±2,65 cm. Mahmilia *et al.*, (2004) mencatat lebar dada pada kambing betina dan jantan adalah 14,1 cm dan 17 cm, hasil pengukuran ini relatif pada kisaran sama. Pengukuran pada bobot badan betina dan jantan adalah 22,36±6,14 kg dan 26,67±11,55 kg, sedangkan Mahmilia *et al.*, (2004) mencatat lebih tinggi yaitu pada betina dewasa adalah 27,6 kg.

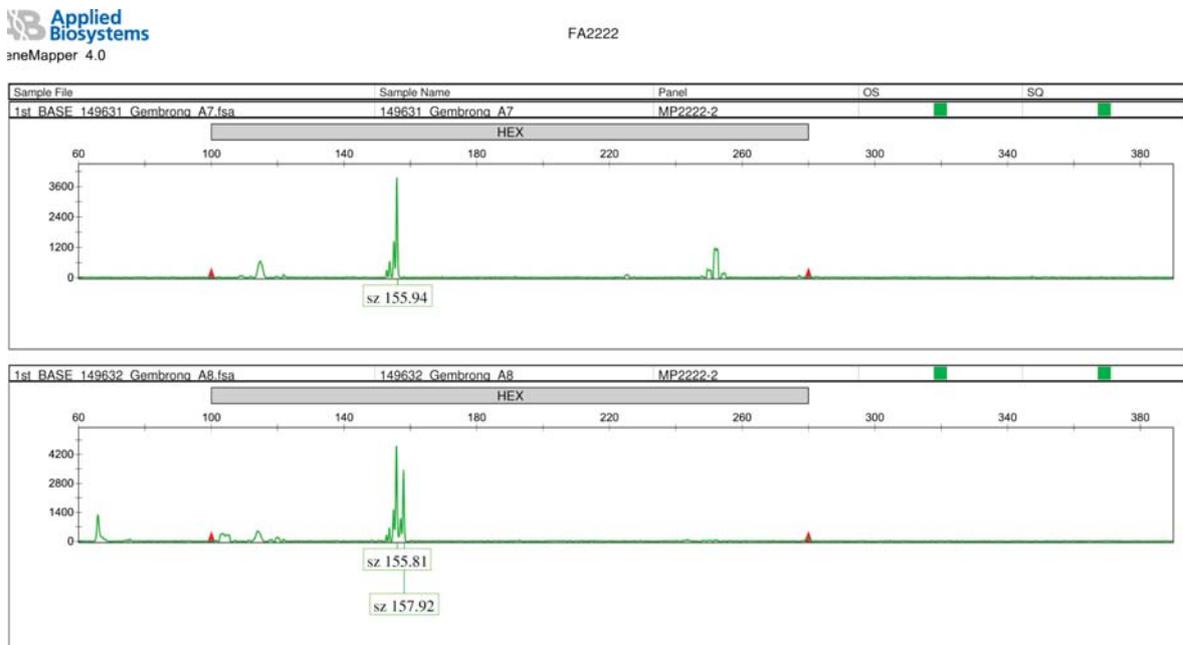
Rekapitulasi ukuran tubuh yang pernah dilakukan dapat digunakan sebagai dasar gambaran umum dari fenotipe kambing *gembrong*. Hasil pengukuran tubuh kambing *gembrong* pada penelitian ini secara lengkap disajikan pada Tabel 2.

Karakterisasi Genotipe

Sebanyak 19 kambing *gembrong* menunjukkan bahwa setiap individu dengan 15 *marker* mikrosatelit yang direkomendasi ISAP/FAO (2004) menunjukkan alel polimorfik terdapat pada *marker* makrosatelit SRCRSP3, ILSTS005, MCM527 (4 alel), kemudian diikuti BM1818 (3 alel), dan ILSTS029, BMS1494, MAF035, OARFCB20, OARE54, MAF70, ILSTS11, ETH10 (2 alel), sedangkan alel monomorfik terdapat pada *marker* mikrosatelit SPS113, CSRSD247, dan INRA0132(1 alel). Salah satu hasil analisis



Gambar 1. Warna rambut kambing *gembrong* A. Betina putih, B. Jantan putih, C. Betina campuran putih dan coklat muda, D. Jantan campuran putih dan coklat muda, E. Betina campuran coklat tua dan hitam.



Gambar 2. Hasil analisis fragmen mikrosatelit dengan marker MCM 527 dan label (pewarna) Hex (hijau). Editing hasil grafik dilakukan dengan perangkat lunak GenMapper Versi 4.0.

Tabel 2. Rataan dari 11 ukuran bagian tubuh kambing *gembrong* di Desa Bugbug Klod dan Banjar Kaler, Kecamatan Karangasem, Kabupaten Karangasem, Propinsi Bali

Bagian Tubuh	Ukuran (rata-rata±simpangan baku) (cm)	
	Betina	Jantan
Panjang badan	57,64±5,71	65,00±7,55
Tinggi pundak	53,91±4,74	57,67±5,69
Dalam dada	28,64±1,91	31,67±3,51
Lebar dada	13,73±1,21	16,00±2,65
Lingkar dada	64,45±5,45	71,33±7,57
Panjang pantat	18,18±1,72	20,00±2,00
Lebar pantat	12,45±1,21	12,50±0,50
Panjang tengkorak	14,41±1,32	15,67±1,15
Lebar tengkorak	8,18±0,60	9,67±0,58
Lingkar pergelangan kaki	6,41±0,44	7,67±0,58
Bobot badan	22,36±6,14	26,67±1,00

panjang fragmen mikrosatelit dengan menggunakan mesin tipe ABI3130XL *automated capillary DNA sequencer* (Applied Biosystems, USA) disajikan pada Gambar 2.

Distribusi frekuensi alel untuk 15 lokus mikrosatelit pada populasi kambing *gembrong* dalam penelitian ini disajikan pada Tabel 3.

Hasil penelitian sebelumnya terhadap kambing lokal Indonesia dengan menggunakan 13 *marker* mikrosatelit menunjukkan bahwa rata-rata heterozigositas kambing *gembrong* rendah, dibandingkan kambing jawarandu, kambing peranakan etawa, kambing kacang, dan kambing kosta (Zein *et al.*, 2012). Nilai heterozigositas diamati (H_e) dan heterozigositas diharapkan (H_e) adalah penting dalam analisis keragaman populasi. Kambing *gembrong* memiliki nilai H_e lebih rendah dari H_e , berarti diversitas genetik populasi kambing *gembrong* rendah dan telah terjadi perkawinan dalam kelompok/*endogamy degree* (Machado *et al.*, 2003). Hal ini akibat dari populasi kecil dan penyebaran terbatas sehingga terjadi perkawinan antar individu yang mempunyai hubungan keluarga dekat. Akibatnya variasi genetik, performans, dan viabilitas ternak akan menurun. Dalam kondisi demikian diperlukan intervensi ilmu pengetahuan dan teknologi DNA, nutrisi, reproduksi, dan tatalaksana pemeliharaan yang optimal untuk mengembangkan populasi dan membentuk *gen pool* yang besar. *Gen pool* besar adalah sebagai dasar pengembangan populasi ternak secara berkelanjutan.

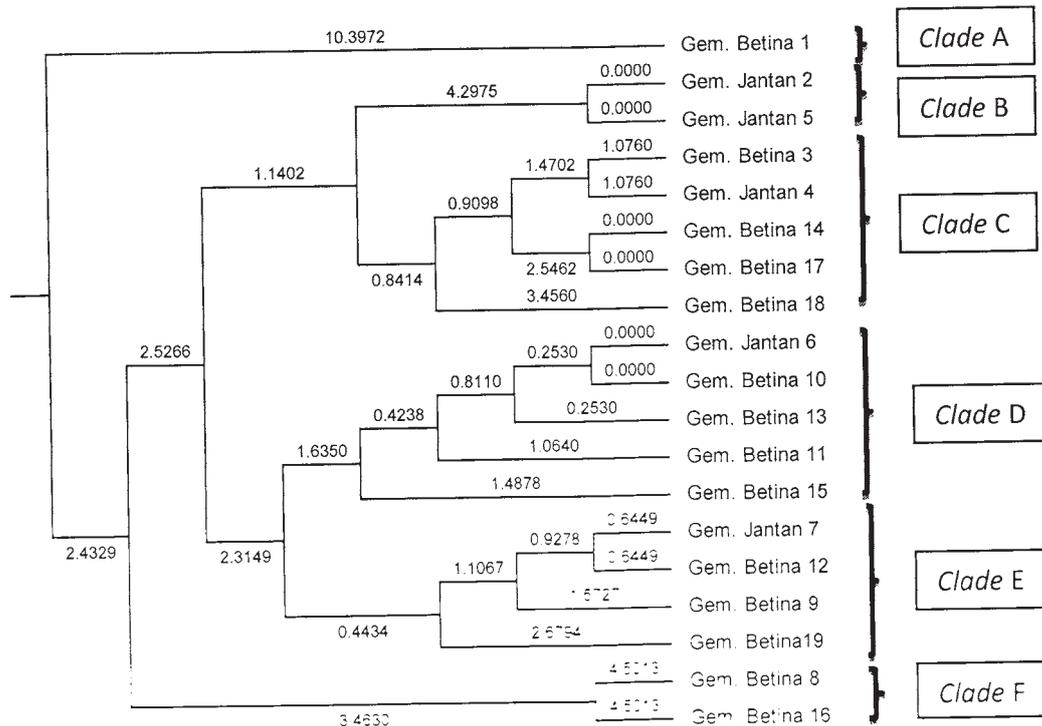
Tabel 3. Distribusi frekuensi alel untuk 15 lokus mikrosatelit pada populasi kambing *gembrong*

Lokus	Alel	Jumlah	Frekuensi alel
ILSTS029	151	31	0,8158
	177	7	0,1842
BMS1494	274	7	0,1842
	278	31	0,8158
MAF035	105	32	0,8421
	107	6	0,1779
SRCRSP3	119	4	0,1111
	121	26	0,7222
	123	5	0,1388
BM1818	125	1	0,0277
	252	25	0,7812
	258	2	0,0625
OARFCB20	260	5	0,1562
	97	2	0,0555
	99	34	0,9444
OARAE54	120	30	0,8333
	124	6	0,1666
ILSTS005	176	2	0,0526
	180	30	0,7895
	182	5	0,1316
	184	1	0,0261
SPS113	141	38	1
CSR247	242	38	1
INRA0132	139	38	1
MCM527	154	3	0,0789
	156	19	0,5000
	158	13	0,3421
	168	3	0,0789
MAF70	146	29	0,7631
	150	9	0,2368
ILSTS11	271	31	0,8158
	277	7	0,1842
ETH10	201	2	0,0526
	207	36	0,9474

Tabel 4. Identitas genetik dan jarak genetik antar individu kambing *gembong* (Nei, 1978)

pop ID	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	****	0.8332	0.9058	0.8126	0.9100	0.8104	0.7455	0.7303	0.8126	0.7869	0.8113	0.7204	0.8126	0.8104	0.7654	0.8581	0.7870	0.8956	0.8441
2	0.1824	****	0.9489	0.9899	1.0018	0.8962	0.8932	0.8240	0.9701	0.9214	0.9135	0.8962	0.9305	0.9048	0.9170	0.8165	0.8880	0.8964	0.8843
3	0.0989	0.0524	****	0.9787	0.9380	0.9015	0.8571	0.8486	0.9175	0.8827	0.9199	0.8371	0.9175	0.9773	0.9015	0.9773	0.9614	0.9693	0.9107
4	0.2075	0.0101	0.0215	****	0.9256	0.9435	0.9003	0.8394	0.9695	0.9305	0.9565	0.8858	0.9695	0.9379	0.9628	0.8564	0.9256	0.8904	0.9311
5	0.0944	-0.0018	0.0641	0.0773	****	0.8415	0.8197	0.7633	0.9256	0.8652	0.8844	0.8194	0.8836	0.8911	0.8858	0.8442	0.8710	0.9287	0.8304
6	0.2102	0.1096	0.1037	0.0581	0.1725	****	0.9477	0.9453	0.9628	1.0004	0.9872	0.9324	1.0013	0.8800	0.9730	0.9015	0.9080	0.8501	0.9601
7	0.2937	0.1129	0.1541	0.1050	0.1989	0.0537	****	0.8807	0.9753	0.9338	0.9231	0.9872	0.9378	0.9199	0.8687	0.7526	0.9059	0.8067	0.9741
8	0.3143	0.1936	0.1641	0.1750	0.2701	0.0563	0.1270	****	0.8980	0.8874	0.8807	0.8631	0.8980	0.7616	0.8631	0.9139	0.7858	0.7734	0.8922
9	0.2075	0.0303	0.0861	0.0310	0.0773	0.0379	0.0250	0.1076	****	0.9503	0.9753	0.9628	0.9878	0.9175	0.9243	0.8156	0.9046	0.8489	0.9501
10	0.2396	0.0818	0.1247	0.0720	0.1448	-0.0004	0.0685	0.1194	0.0509	****	0.9744	0.9795	0.9899	0.9269	1.0004	0.8607	0.9563	0.8516	0.9460
11	0.2091	0.0905	0.0835	0.0444	0.1229	0.0129	0.0800	0.1270	0.0250	0.0259	****	0.9082	0.9753	0.9199	0.9477	0.8571	0.9491	0.8492	0.9351
12	0.3280	0.1096	0.1778	0.1213	0.1992	0.0700	0.0129	0.1472	0.0379	0.0207	0.0963	****	0.9628	0.9444	0.8919	0.7727	0.9301	0.8065	0.9201
13	0.2075	0.0720	0.0861	0.0310	0.1238	-0.0013	0.0642	0.1076	0.0123	0.0101	0.0250	0.0379	****	0.9175	0.9628	0.8564	0.9046	0.8489	0.9501
14	0.2102	0.1000	0.0230	0.0641	0.1153	0.1278	0.0835	0.2723	0.0861	0.0759	0.0835	0.0572	0.0861	****	0.9015	0.8636	1.0787	0.9463	0.9107
15	0.2674	0.0866	0.1037	0.0379	0.1213	0.0274	0.1407	0.1472	0.0787	-0.0004	0.0537	0.1144	0.0379	0.1037	****	0.9015	0.9301	0.8283	0.9201
16	0.1530	0.2027	0.0230	0.1551	0.1694	0.1037	0.2842	0.0900	0.2038	0.1500	0.1541	0.2579	0.1551	0.1466	0.1037	****	0.8911	0.9232	0.8472
17	0.2395	0.1188	0.0394	0.0773	0.1382	0.0966	0.0988	0.2411	0.1003	0.0447	0.0523	0.0725	0.1003	-0.0757	0.0725	0.1153	****	0.9287	0.8959
18	0.1102	0.1093	0.0311	0.1161	0.0740	0.1624	0.2147	0.2570	0.1638	0.1606	0.1635	0.2151	0.1638	0.0552	0.1884	0.0799	0.0740	****	0.8818
19	0.1695	0.1229	0.0935	0.0714	0.1859	0.0407	0.0262	0.1140	0.0512	0.0555	0.0671	0.0833	0.0512	0.0935	0.0833	0.1658	0.1099	0.1258	****

Keterangan: identitas genetik (atas diagonal) dan jarak genetik (atas diagonal).



Gambar 3. Pohon filogeni dari 19 ekor kambing *gembong* menggunakan 15 *marker* mikrosatelit yang dikonstruksi dengan UPGMA dan dikalkulasi dengan perangkat lunak GENEPOP versi 3.2. (Raymond dan Rousset, 2001).

Deteksi Silsilah Populasi

Dalam usaha meningkatkan diversitas genetik dari populasi kambing *gembrong* pada penangkaran, perlu dilakukan pengaturan perkawinan dengan menggunakan informasi keragaman genetik dengan memperhatikan keragaman alel pada setiap individu kambing *gembrong*. Hasil jarak genetik antar individu (Tabel 4) dapat divisualkan berupa grafik filogeni seperti Gambar 3. Seperti telah diketahui bahwa pohon filogeni merupakan grafik yang menunjukkan hubungan kekerabatan (geneologi) antar individu. Grafik terdiri dari sejumlah nodus dan cabang dari individu kambing *gembrong* dari populasi yang dianalisis. Grafik filogeni yang terbentuk dapat digunakan sebagai dasar untuk mengatur perkawinan antar individu. Sebagai usaha untuk meningkatkan keragaman genetik dari populasi kambing *gembrong* dalam penangkaran. Hasil analisis identitas genetik dan jarak genetik antar individu kambing *gembrong*, disajikan pada Tabel 4. Berdasarkan jarak genetik ini dibentuk pohon filogeni yang menggambarkan hubungan kekerabatan antar individu kambing *gembrong* dalam populasi.

Hasil deteksi silsilah kambing *gembrong* Desa Bugbug Klod dan Banjar Kaler, Kecamatan Karangasem, Kabupaten Karangasem, Propinsi Bali (Gambar 2.) terdapat enam *clade/haplogroup* dengan menggunakan 15 marker mikrosatelit yang direkomendasi ISAG/FAO (2004). Susunan silsilah ini dapat digunakan sebagai dasar dalam perencanaan perkawinan. Seperti diketahui keragaman genetik dari keturunan akan ditentukan dari hasil perkawinan jantan dan betina yang akan saling berkontribusi sekitar 50%. Oleh sebab itu pengaturan perkawinan dapat direncanakan dan dilakukan antar individu jantan dan betina dengan *clade* yang berbeda. Kombinasi antar *clade* diharapkan akan menambah keragaman genetik dari populasi keturunannya. Demikian selanjutnya dilakukan terhadap jantan dan betina dari *clade* lainnya. Setelah terbentuk keturunan pertama, selanjutnya dapat dilakukan perkawinan antar kelompok keturunan dari generasi pertama, dengan demikian keturunan berikutnya akan memiliki tingkat keragaman genetik yang lebih tinggi. Sistem perkawinan berbasis silsilah dilakukan secara sistematis dan berkesinambungan sampai terjadi peningkatan populasi dan terbentuk *gen pool* yang besar. Li *et al.*, (2008) menyatakan bahwa keberadaan *gene pool* yang besar adalah penting

untuk pembibitan dan pelestarian dalam pengembangan sistem produksi ternak berkelanjutan.

SIMPULAN

Diskripsi fenotipe dibutuhkan untuk memilih bibit dengan ciri-ciri warna rambut, ukuran tubuh, dan kemampuan reproduksi dalam usaha mendapat keturunan dengan performans kambing *gembrong* yang sesuai dengan yang diharapkan. Deteksi silsilah dengan analisis DNA sidik jari untuk menelusuri hubungan geneologi antar individu dari populasi kambing *gembrong* sehingga dapat dijadikan dasar untuk mengatur perkawinan antar individu dalam rangka meningkatkan derajat keragaman genetik keturunannya.

SARAN

Tatalaksana pemeliharaan kambing *gembrong* sebaiknya dilakukan secara intensif dengan pengaturan perkawinan berbasis silsilah dan data morfologi untuk pengembangan yang lebih efektif.

UCAPKAN TERIMA KASIH

Penelitian ini merupakan bagian dari program *Genetic characterization of Indonesian small ruminants* yang mendapatkan dukungan dana dari *International Atomic Energy Agency* (IAEA) dengan koordinator Prof. Muladno. Oleh sebab itu kami ucapkan terima kasih kepada semua anggota tim dari LIPI, IPB, Puslitnak, dan Direktorat Jendral Peternakan.

DAFTAR PUSTAKA

- Batubara A, Doloksaribu M, Tiesnamurti B. 2006. Potensi Keragaman Sumberdaya Genetik Kambing Lokal Indonesia. Lokakarya Nasional Pengelolaan dan Perlindungan Sumber Daya Genetik di Indonesia: Manfaat ekonomi untuk mewujudkan Ketahanan nasional.
- Board on Agriculture National Research Council. 1993. Managing Global Genetic Resources. Livestock. Committee on Managing Global

- Genetic Resources: Agricultural Imperative, National Academy Press, Washington, D.C., USA.
- Brandy N. 1990. Kambing Gembrong dari Bali Timur. Denpasar. *Bali Post*. Edisi 18 September 1990.
- Buchanan FC, AdamsLJ, LittlejohnRP, MaddoxJF, CrawfordAM. 1994. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. *Genomic 22* : 397-403.
- FAO. 2007. *The state of the worlds's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*, edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome.
- Ellegren H, Moore S, Robinson N, Byrne K, Ward W, Sheldon BC. 1997. Microsatellite evolution-Areciprocal study of repeat lengths at homologous loci in cattle and sheep. *Mol Biol Evol 14* : 854-860.
- Falconer DS, Mackay TFC. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth Ed. New York. Longman Inc.
- Hartl DL, Clark AG. 1997. *Principle of Population Genetic*. Sunderland. Sinauer Associates.
- Herrera M, Rodeo E, Gutierrez MJ, Pena F, Rodero JM. 1996. Application of multifactorial discriminant analysis in the morpho structural differentiation of Andalusian caprine breeds. *Small Ruminant Research 22* : 39-47.
- ISAG/FAO. 2004. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD) Recommended Microsatellites Markers. Secondary Guidelines, For development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. New Microsatellite Marker Set-recommendations of Joint ISAG/FAO Standing Committee. Rome, Italy.
- Li JY, ChenH, Lan XY, Kong XJ, Min LJ. 2008. Genetic diversity of five Chinese goat breeds assessed by microsatellite markers. *Czech J Anim Sci 53(8)* : 315-319.
- Machado MA, Schuster I, Martinez ML, Campos AL. 2003. Genetic diversity of four breed using microsatellite markers. *Rev Bras De Zool 32* : 93-98.
- Mahmilia F, Ginting SP, Batubara A, Doloksaribu M, Tarigan A. 2004. Karakteristik Morfologi dan Performans Kambing Gembrong dan Kosta. Prosiding Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner. Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan. Bogor.
- Moioli B, Napolitano F, Catillo G. 2004. Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica cattle breeds. *J Hered 95* : 250-256.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics 89* : 583-590.
- Ponzoni RW. 1997. Genetic resources and conservation. In: Piper L, Ruvinsky A (Eds). *The Genetics of Sheep*. New York. CAB International. Pp 437-469.
- Raymond M, Rousset F. 2001. Genepop (3.2). Population Genetics Software for Exact Test and Ecumenicism (EB/OL)(<http://www.wbiomed.curtin.edu.au/genepop>).
- Sambrook J, Fritsch EF, Manias T. 1989. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*. Vol. 1-3. Second Edition. Cold Spring Harbour Laboratory Press.
- Setiadi B, Subandriyo, Dwiyanto K, Sartika T, Tiesnamurti B, Yulistiani D, Martawidjaja M. 2000. Karakterisasi Sumber Daya Genetik Kambing Lokal sebagai Upaya Pelestarian secara *ex-situ*. Balai Penelitian Ternak, Ciawi-Bogor.
- Sodiq A, Tawfik ES. 2003. The role and breeds, management systems, productivity and development strategies of goats in Indonesia: A review. *J Agric Dev Tropics Subtropics 104* : 71-89.
- Widiyazid S, Guntoro S, Suyasa N. 1999. *Pemetaan Distribusi dan Pengembangan Plasma Nutfah Kambing Gembrong*. Denpasar. Yayasan Prinawisa.
- Zein MSA, Sulandari S, Muladno, Subandriyo, Riwantoro. 2012. Diversitas Genetik dan Hubungan Kekerbatan Kambing Lokal Indonesia Menggunakan Marker DNA mikrosatelit. *JITV 17(1)* : 25-35.