

Penggunaan Polimorfisme Protein Darah untuk Penentuan Jarak Pertalian Genetik antar Populasi Domba Indonesia, *St. Croix* dan *Merino*

AGUS SUPARYANTO¹, T. PURWADARIA¹, SUBANDRIYO¹, T. HARYATI¹ dan K. DIWYANTO²

¹Balai Penelitian Ternak, PO BOX 221, Bogor 16002, Indonesia

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

(Diterima dewan redaksi 30 Agustus 2002)

ABSTRACT

AGUS SUPARYANTO¹, T. PURWADARIA¹, SUBANDRIYO¹, T. HARYATI¹ and K. DIWYANTO². 2002. The use of blood protein polymorphism to estimate genetic distance among populations of Indonesian native sheep, *St. Croix* and *Merino*. *JITV* 7(1): 46-54.

The genetic distance among populations of Indonesia native sheep (Ciamis, Garut, Sumatera and Garahan), *St. Croix* and *Merino* were estimated to investigate the genetic relationship among those breeds. Blood protein polymorphism of transferin (Tf), post-transferin (PTf), albumin (Alb), post-albumin (PAIb) were detected from blood plasma, while haemoglobine (Hb) was detected from erythrocyte using Polyacrylamide Gel Electrophoresis (PAGE). Results of PAGE showed that Tf was controlled by 6 alleles, while Alb by 4 alleles, PTf by 3 Alleles and PAIb and Hb by 2 alleles. Value of breeding coefficient within individual subpopulations (F_{IS}) for Tf (-0,0014), Alb (-0,0046) and Hb (0,0256) were not significantly different by noel. These results show that data of gene frequency are still following Hardy-Weinberg Equilibrium and inbreeding inside the sub population did not occur. The closest distance among the native breeds is the subpopulations of Ciamis and Garut due to neighboring area and similar traits of Thin Tail Sheep. The genetic distance of both population to Sumatera Thin Tail Sheep and Garahan Fat Tail are quite far. In addition to that results all Indonesian native breed were distinctly different from *St. Croix* and *Merino*.

Key words: Indonesian native sheep, *St. Croix*, *Merino*, blood protein polymorphism, genetic distance

ABSTRAK

AGUS SUPARYANTO¹, T. PURWADARIA¹, SUBANDRIYO¹, T. HARYATI¹ and K. DIWYANTO². 2002. Penggunaan polimorfisme protein darah untuk penentuan jarak pertalian genetik antar populasi domba Indonesia, *St. Croix* and *Merino*. *JITV* 7(1): 46-54.

Jarak genetik antar populasi domba asli Indonesia (Ciamis, Garut, Sumatera dan Garahan), *St. Croix* dan *Merino* telah ditentukan untuk mengetahui hubungan antar rumpun domba tersebut. Elektroforesis gel poliakrilamid (PAGE) digunakan untuk menentukan polimorfisme protein plasma darah transferin (Tf), post-transferin (PTf), albumin (Alb), post-albumin (PAIb), sedangkan hemoglobin (Hb) dideteksi dari eritrosit darah. Hasil PAGE menunjukkan bahwa Tf dikontrol oleh 6 alel, sementara Alb oleh 4 alel, PTf oleh 3 alel sedangkan PAIb dan Hb oleh 2 alel. Nilai koefisien inbreeding dalam individu antar subpopulasi (F_{IS}) untuk lokus Tf (-0,0014), Alb (-0,0046) dan Hb (0,0256) tidak berbeda nyata dengan nol. Hasil ini menunjukkan bahwa frekuensi gen masih mengikuti kaidah keseimbangan hukum Hardy-Weinberg dan keadaan inbreeding dalam subpopulasi tidak terjadi. Jarak genetik yang relatif dekat pada domba asli adalah antara subpopulasi Ciamis dan Garut yang ke duanya merupakan domba Ekor Tipis dan berasal dari area yang berdekatan. Jarak genetik kedua subpopulasi dengan domba Ekor Tipis Sumatera dan Ekor Gemuk Garahan berjarak sedang. Hasil lain terungkap bahwa semua rumpun domba asli Indonesia memiliki jarak pertalian genetik jauh dengan *St. Croix* dan *Merino*.

Kata kunci: Domba asli Indonesia, *St. Croix*, *Merino*, polimorfisme protein darah, jarak genetik

PENDAHULUAN

Secara morfologis ukuran domba lokal, rumpun Garut mempunyai ukuran yang lebih baik bila dibandingkan dengan domba Ciamis maupun Sumatera. Demikian juga kondisi bobot hidupnya domba yang berasal dari Garut nyata lebih berat baik untuk jenis kelamin jantan maupun yang betina. Namun demikian TIESNAMURTI *et al.* (1998) mensinyalir adanya stagnasi performans, dimana dari hasil pengamatan menunjukkan bahwa selama rentang waktu 15 tahun

domba rumpun Garut tidak banyak mengalami perubahan morfologisnya.

Keragaman morfologi protein dari sifat biokimia darah, merupakan salah satu teknik yang dapat membantu untuk menelusuri asal usul keaslian dan jarak pertalian genetik antar rumpun ternak yang teruji. Dasar mekanisme yang melatarbelakangi timbulnya polimorfisme karena adanya perbedaan berat molekul protein darah yang dapat mengakibatkan terjadinya perbedaan pergerakan pengisian partikel atau ion-ion ke

dalam media gel pada radius medan listrik (MOODY dan THOMAS, 1975).

Pembuktian tersebut telah banyak dilaporkan pada berbagai komoditas ternak. Seperti laporan ERHARDT (1986) pada domba menjelaskan bahwa polimorfisme transferin sangat efektif untuk mengontrol tetua dan karakterisasi suatu bangsa ternak. Dengan menggunakan sistem elektroforesis vertikal dan diskontinyu dalam poliakrilamid didapatkan dua pita utama yaitu pita major dan minor pada anoda. Pergerakan berat molekul yang menuju anoda menjadikan adanya alel I, A, G, B, C, D, M, E, Q dan P. Lebih jauh dilaporkan adanya pergeseran alel M, D, Q dan E memiliki pola yang berbeda dengan teknik yang menggunakan gel pati alkali.

Demikian halnya dengan ARCHIBALD dan WEBSTER (1986), mendapatkan hasil keragaman lokus transferin yang terdeteksi baik dengan menggunakan elektroforesis gel poliakrilamid secara horizontal. Hasil tersebut menekankan bahwa dari lima perbedaan pita transferin, empat alel teridentifikasi sebagai alel A, B, C dan D. Sementara yang satu pita lagi yang merupakan hasil pergeseran berat molekul terletak diantara pita B dan C. Sementara hasil yang berbeda dilaporkan ASTUTI (1997), yaitu lokus transferin, albumin dan hemoglobin pada protein darah kambing PE dan lokal dikontrol oleh tiga alel, sedangkan untuk post albumin dan post transferin dikontrol oleh 2 alel.

Koefisien inbreeding yang dinotasikan (F) memiliki arti besarnya nilai frekuensi pengurangan heterosigositas akibat inbreeding, dimana besarnya nilai F menunjukkan gambaran kuantitas efek inbreeding pada struktur populasi (HARTL dan CLARK, 1997). Hal ini perlu diketahui karena HARTL dan CLARK (1997) melihat bahwa berkaitan dengan nilai heterosigositas, salah satu hal yang penting sebagai konsekuensi dari struktur populasi adalah terjadinya penurunan (reduksi) terhadap heterosigositas genotip. Keadaan ini mengacu pada prinsip Wahlund dimana, bila kita mempunyai banyak subpopulasi dan masing-masing subpopulasi memiliki kaidah HWE maka bila digabung akan terjadi penurunan. Penurunan heterosigositas memiliki makna dan berkorelasi dengan meningkatnya intensitas inbreeding. Tingginya nilai inbreeding menunjukkan tingkat kekerabatan yang semakin dekat sehingga jarak pertalian genetiknya akan semakin dekat pula. FARAJALLAH (1995) melaporkan bahwa estimasi indeks fiksasi Wright (F) populasi monyet di Jatibarang tidak menyimpang dari nol. Hal ini menunjukkan bahwa monyet-monyet tersebut hidup dari hasil kawin secara acak. Lebih jauh dilaporkan pula bahwa nilai Chi-kuadrat yang didapat $\chi^2=0,0192$ dengan $p=0,8898$ dan $\chi^2=0,0225$ dengan $p=0,8808$ menggambarkan bahwa lokus transferin (Tf) dan karbonik-anhidrase-II (CA-II) tidak terjadi migrasi.

Di Indonesia, penelusuran jarak pertalian genetik antar kelompok maupun populasi menurut keberadaannya dengan menggunakan analisis polimorfisme protein darah pada berbagai hewan/satwa sudah cukup banyak. Namun pada komoditas ternak seperti kambing, domba, sapi, kerbau dan berbagai unggas maupun non ternak seperti monyet masih sangat minim karena berbagai alasan (MARTOJO *et al.*, 1984; FARAJALLAH, 1995; MULLIADI, 1996 dan ASTUTI, 1997). Oleh karena itu penulisan ini bertujuan untuk mengetahui sejauhmana karakteristik lokus maupun koefisien inbreeding yang terdapat pada domba yang lokal Indonesia maupun domba eks-impor yaitu *St. Croix* dan *Merino* dan jarak pertalian genetiknya.

MATERI DAN METODE

Materi

Penelitian ini telah dilakukan di laboratorium Balai Penelitian Ternak Ciawi, dimana sampel darah ternak domba diambil dari beberapa lokasi di Jawa Barat, Jawa Timur dan Sumatera Utara. Sebanyak 50 sampel darah domba ekor Gemuk berasal dari Balai Pembibitan Ternak Garahan (Jawa Timur), untuk domba ekor Tipis dipilih domba rakyat di Kabupaten Ciamis sebanyak 40 sampel dan Garut (Jawa Barat) sebanyak 39 sampel serta dari Deli Serdang (Sumatera Utara) sebanyak 40 sampel. Sementara 40 sampel darah domba *Merino* diambil dari domba ex-impor yang akan dipotong yang berada di Cicadas (Bogor) serta 29 sampel darah *St. Croix* diambil dari Stasiun Percobaan Ciawi (Bogor).

Prosedur kerja

Sampel darah diambil per individu ternak secara acak yang ditemukan di kandang dengan teknik pengambilan darah melalui pembuluh darah balik dibagian leher (*Vena Jugularis*) dengan menggunakan *venoject* dengan tabung vacum bervolume 10 ml. Prosedur pemisahan plasma dan butir-butir sel darah merah dilakukan dengan menggunakan alat sentrifugal.

Teknik elektroforesis yang dilakukan di Laboratorium Produksi Ternak IPB menggunakan model vertikal dengan gel poliakrilamid sebesar 7% sebagai media pemisah berdasarkan berat molekul (ion) dan konsentarsi 3% digunakan untuk menggertak agar terjadi pola pita-pita protein sebagai mana yang dikehendaki antara lain : transferin (Tf), pos-transferin (PTf), albumin (Alb), post-albumin (PALb) dan hemoglobin (Hb) dengan menggunakan metoda yang diperkenalkan oleh GAHNE *et al.* (1977).

Elektroforesis dijalankan dengan kekuatan arus sebesar 10 mA untuk Tf, PTf, Alb dan PALb sementara kekuatan arus sebesar 20 mA untuk Hb selama 20 menit. Hasil elektroforesis terekam dalam plastik film, dimana pembacaan pita-pita protein (alel) dilakukan

secara visual. Alel yang dekat dengan anoda disebut sebagai alel A, dan berturut-turut untuk alel B, C dan seterusnya bila pita semakin menjauh dan mengarah ke katoda.

Analisis data

Data hasil pembacaan pita elektroforesis yang dikodekan sebagai data kualitatif perlu untuk dikoding kembali ke dalam data numerik. Bila pada lokus polimorfik dimana minimal memiliki dua alel (misalnya A dan B) dan masing-masing diploid individu terdiri dari alel yang berpasangan maka skoring konversi numerik dilakukan dengan cara *bivariate*. Untuk mempermudah skoring dan perhitungan selanjutnya maka setiap alel harus dilambangkan, dimana nilai $x = 1$ apabila alel yang dimaksud adalah A. Demikian pula bila $x = 0$ jika alel yang dimaksud adalah B, demikian seterusnya bagi lokus yang memiliki pita protein lebih dari dua alel.

Besarnya tingkat hubungan inbreeding baik dalam individu maupun antar individu dalam subpopulasi ataupun pula antar subpopulasi dianalisis dengan teknik pendekatan yang telah digunakan oleh SMOUSE dan LONG (1988) yaitu menggunakan analisis varian (ANOVA) model tersarang (NESTED). Persamaan matematikanya dapat dituliskan sebagai rumus persamaan (1) dan proses perhitungan dengan mengikuti petunjuk SAS Release 6.12 (SAS, 1987).

$$X_{kij} = p + a_k + b_{ki} + W_{kij} \dots\dots\dots (1)$$

X_{kij} = nilai koding untuk gen ke j pada individu ke i dan dalam subpopulasi ke k
 p = nilai rata-rata umum
 a_k = pengaruh dari subpopulasi ke k
 b_{ki} = pengaruh individu i dalam subpopulasi k
 W_{kij} = pengaruh gen dalam individu i

Demikian halnya jika harapan x pada populasi umum adalah p maka total varian dapat dicari dengan menggunakan rumus (2) (SMOUSE dan LONG, 1988 dan HARTL dan CLARK, 1997):

$$\sigma^2 = p(1-p) \dots\dots\dots (2)$$

Pengaruh perkawinan individu berkerabat dekat (*inbreeding*) dapat dikuantitatifkan dan dinyatakan

dengan F sebagai bentuk koefisien inbreeding maka rumus persamaan (3) akan menjadi :

$$F = (H_0 - H_1) / H_0 \dots\dots\dots (3)$$

Posisi gen yang tersarang dalam individu dan individu yang tersarang dalam subpopulasi merupakan sumber keragaman bagi koefisien inbreeding dan tehnik perhitungannya didasarkan pada rumus yang diperkenalkan oleh SMOUSE dan LONG (1988). Kelompok tersarang yang dimaksud adalah :

$$F_{IT} = (\sigma_a^2 + \sigma_b^2) / \sigma^2$$

$$F_{IS} = \sigma_b^2 / (\sigma_b^2 + \sigma_w^2)$$

$$F_{ST} = \sigma_a^2 / \sigma^2 \dots\dots\dots (4)$$

- F_{IT} merupakan korelasi inbreeding (heterosigositas) antara 2 gamet yang bersatu relatif terhadap total populasi
- F_{IS} merupakan korelasi *inbreeding* (heterosigositas) antara 2 gamet random yang bersatu relatif dalam subpopulasi yang sama
- F_{ST} merupakan korelasi inbreeding (heterosigositas) antara 2 gamet yang diambil secara random dari setiap subpopulasi dan mengukur derajat perbedaan genotipa antar subpopulasi

Pendugaan jarak pertalian genetik antar dua subpopulasi atau kelompok rumpun dihitung mengikuti metoda taksonomi numerik yang diperkenalkan oleh NEI (1987), dengan rumus bangun adalah sebagai berikut :

$$D_{jk} = -\log_e \frac{\sum q_{ij}q_{ik}}{\sqrt{(\sum q_{ij}^2)(\sum q_{ik}^2)}} \dots\dots\dots (5)$$

- dimana : D_{jk} = Jarak genetik antara subpopulasi ke j dan populasi ke k
- q_{ij} = Frekuensi alel i pada subpopulasi ke j
- q_{ik} = Frekuensi alel i pada subpopulasi ke k

Guna mempermudah perhitungan, tehnik perhitungan matriks jarak genetik dilakukan dengan prosedur PROC SCANDISK yang dimiliki oleh paket program SAS Release 6.12 (SAS, 1987). Hasil matriks jarak pertalian genetik selanjutnya digunakan untuk membuat pohon dendogram dengan menggunakan program soft ware MEGA (KUMAR *et al.*, 1993).

Tabel 1. Analisis sidik ragam

| Sumber keragaman | Derajat bebas (db) | Kuadrat tengah (KT) | Harapan KT |
|-------------------------------|--------------------|---------------------|---|
| Antar subpopulasi | M-1 | KT _a | $\sigma_w^2 + 2\sigma_b^2 + 2N\sigma_a^2$ |
| Antar individu dalam populasi | M(N-1) | KT _b | $\sigma_w^2 + 2\sigma_b^2$ |
| Dalam individu | N | KT _w | σ_w^2 |
| Total | | | σ^2 |

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil yang didapat menunjukkan bahwa protein darah untuk lokus hemoglobin (Hb) hanya memiliki polimorfisme yang terdiri dari dua alel yaitu A dan B. Hasil dua alel ini sejalan dengan laporan terdahulu yang dilakukan oleh ORDAS dan SAN PRIMITIVO (1986) terhadap 11 flock dari tiga rumpun domba yaitu *Churra* (4 flock), *Lacha* (4 flock) dan *Manchega* (3 flock). Teknik analisis dilakukan dengan elektroforesis horizontal dalam gel pati 13%. Lebih jauh hasil ini dapat dilaporkan pula bahwa frekuensi alel B terindikasi adanya proporsi yang lebih tinggi disemua subpopulasi rumpun yang diamati dengan rentang persentase berkisar antara 58,3 – 97,5%. Kondisi ini berbeda dengan hasil yang dilaporkan oleh ASTUTI (1997), dimana analisis protein darah kambing pada lokus yang sama memberikan hasil polimorfisme sebanyak 3 alel, sementara MULLIADI (1996) mendapatkan 4 alel (A, A', B dan B'). Perbedaan hasil ini diduga selain jenis ternak juga disebabkan oleh teknik yang digunakan.

Lebih jauh dapat dilaporkan bahwa domba *Merino* memiliki frekuensi alel A cenderung paling tinggi dibandingkan dengan rumpun lainnya yaitu 43,8% (Tabel 2). Adapun frekuensi alel A yang terendah ditemui pada domba lokal Sumatera (2,5%) kemudian diikuti dengan sedikit lebih tinggi pada domba Ekor Gemuk (Garahen) yaitu sebesar 3,1%. Sementara untuk domba *St. Croix* dimana alel A frekuensinya (15,5%) relatif kecil dibanding pada domba rumpun Ciamis (23,8), Garut (31,3%) dan *Merino* (43,8%). Tingginya frekuensi alel A menunjukkan perbedaan domba *Merino* terhadap bangsa domba lainnya.

Keragaman lokus Alb pada domba lokal memperlihatkan hasil yang agak berbeda dengan laporan ORDAS dan SAN PRIMITIVO (1986), dimana domba *Manchega* hanya memiliki 1 alel yaitu V, sedangkan pada domba *Churra* selain hanya ditemui alel F juga terdapat alel S sebagaimana yang terdapat pada rumpun domba *Lacha*. Polimorfisme lokus Alb yang didapat dalam penelitian ini dapat dilaporkan sebanyak 4 alel yaitu A, B, C dan D. Hal yang menarik untuk dicermati adalah karakterisasi alel D yang tidak ditemukan pada satupun domba rumpun Ciamis (Tabel 2).

Fenomena tersebut apakah menunjukkan gejala bahwa domba Ciamis yang merupakan domba Priangan telah mengalami mutasi gen akibat tercampuri darah dari domba-domba yang datang dari daerah lain seperti domba Ekor Tipis dari Cirebon maupun Jawa Tengah. Namun apabila runutan didasarkan pada sampel darah domba Ekot Tipis Sumatera yang menurut laporan LEVINE dan KARO-KARO (1985) merupakan rumpun hasil migrasi domba Ekor Tipis Semarang yang dibawa oleh para kuli kontrak perkebunan yang berasal dari Jawa Tengah, seharusnya jenis gen yang terdeteksi

tidak akan jauh berbeda. Apalagi rumpun terdekatnya yaitu rumpun Garut menunjukkan adanya alel D. Kondisi ini telah membuat dugaan pada hilangnya gen akibat sesuatu yang belum jelas diketahui atau adanya peluang kesalahan dalam analisis sampel darah maupun pembacaan pita.

Lokus Tf cenderung menghasilkan keragaman pita protein darah yang tinggi. Hasil elektroforesis menunjukkan adanya tujuh perbedaan pita berat molekul yang dikoding sebagai alel A, B, C, D, E dan F. Dari hasil pembacaan pita lokus Tf ternyata satu-satunya domba lokal secara molekuler yang memiliki alel F adalah rumpun Sumatera (6,4%), bahkan besarnya frekuensi yang didapat ternyata lebih besar dari domba introduksi *Merino* (5,0%) maupun *St. Croix* (1,8%) (Tabel 2). Munculnya alel F pada domba rumpun Sumatera dan tidak diikuti oleh domba lokal lainnya diduga domba-domba tersebut telah terkontaminasi oleh darah *St. Croix* yang menurut SUBANDRIYO *et al.* (2000) telah didatangkan ke Stasiun Percobaan Sukadamai Sungai Putih Sumatera Utara pada pertengahan tahun delapan puluhan.

Hasil yang menarik lainnya dari lokus Tf adalah adanya fenomena dimana domba rumpun Ciamis terdeteksi memiliki alel A sebagaimana yang dimiliki oleh domba *St. Croix*, meskipun besarnya frekuensi hanya 1,3%. Sebaliknya domba *Merino* tidak memiliki alel A sebagaimana yang dimiliki domba lokal selain rumpun Ciamis tersebut. Besarnya pemilikan alel A yang ditemui pada domba rumpun *St. Croix* relatif lebih tinggi dari rumpun Ciamis, dimana tingkat frekuensinya sebesar 3,6%. Hasil penelitian ini baik dilihat dari banyaknya jumlah pita yang dihasilkan pada lokus Tf (7 pita) maupun karakteristik pemilihan seperti tidak munculnya alel F pada rumpun tertentu sesuai dengan laporan sebelumnya, dimana ORDAS dan SAN PRIMITIVO (1986) melaporkan bahwa lokus transferin memiliki alel A, B, C, D, E dan P. Namun khusus untuk *Churra* dan *Lacha* tidak didapatkan adanya alel P.

Berbeda dengan lokus Hb, pada lokus PAlb tampak bahwa alel A cenderung memiliki frekuensi yang jauh lebih tinggi pada semua rumpun domba yang diamati dibanding dengan alel B. Besarnya rentang frekuensi alel A berkisar antara 82,7-94,0%. Karakteristik yang ditunjukkan oleh lokus PTF menggambarkan bahwa alel B cenderung memiliki frekuensi yang lebih tinggi dibanding dengan alel-alel lainnya yaitu A dan C. Bahkan pada rumpun *St. Croix* ternyata tidak ditemui adanya pita yang menunjukkan keberadaan alel A.

Tiga pita lokus PTF hasil pembacaan analisis elektroforesis menunjukkan adanya posisi dimana domba lokal memiliki proporsi alel B dengan frekuensi (77-89%) yang lebih besar dibandingkan dengan dua domba introduksi lainnya. Sementara itu pada domba *Merino* dan *St. Croix* tampak besarnya frekuensi alel C relatif lebih besar dibandingkan dengan domba lokal.

Tabel 2. Persentase frekuensi polimorfisme berdasarkan populasi rumpun domba lokal di Indonesia, *Merino* dan *St. Croix*

| Lokus | Alel | Ciamis | Garut | Garahan | Sumatera | <i>Merino</i> | <i>St. Croix</i> | |
|--------------------------|--------------------------|--------|-------|---------|----------|---------------|------------------|------|
| Hemoglobin (Hb) | A | 23,8 | 31,3 | 3,1 | 2,5 | 43,8 | 15,5 | |
| | B | 76,2 | 68,7 | 96,9 | 97,5 | 58,2 | 84,5 | |
| Albumin (Alb) | A | 16,3 | 13,7 | 8,0 | 16,7 | 6,3 | 0,0 | |
| | B | 58,7 | 56,3 | 51,0 | 62,8 | 47,5 | 25,9 | |
| | C | 25,0 | 27,5 | 37,0 | 19,2 | 38,7 | 60,3 | |
| | D | 0,0 | 2,5 | 4,0 | 1,3 | 7,5 | 13,8 | |
| | Transferin (Tf) | A | 1,3 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 3,6 |
| | B | 3,7 | 1,3 | 41,0 | 0,0 | 26,3 | 8,9 | |
| Post Albumin (PALb) | C | 20,0 | 23,7 | 7,0 | 29,5 | 18,7 | 23,2 | |
| | D | 42,5 | 35,0 | 28,0 | 29,5 | 26,3 | 21,4 | |
| | E | 32,5 | 40,0 | 24,0 | 34,6 | 23,7 | 41,1 | |
| | F | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 6,4 | 5,0 | 1,8 | |
| | Post Transferin (PTf) | A | 87,5 | 91,0 | 94,0 | 92,3 | 91,3 | 82,7 |
| Post Albumin (PALb) | B | 12,5 | 9,0 | 6,0 | 7,7 | 8,7 | 17,2 | |
| | A | 12,5 | 7,7 | 5,0 | 5,0 | 11,3 | 0,0 | |
| | B | 77,5 | 80,8 | 77,0 | 88,7 | 56,2 | 53,6 | |
| Post Transferin (PTf) | C | 10,0 | 11,5 | 18,0 | 6,3 | 32,5 | 46,4 | |

Yang menarik dari hasil analisis ini bahwa alel pada lokus PTF dari dua rumpun domba introduksi adalah distribusi frekuensi antara alel B (33-46%) dan C (54-56%) yang memiliki porsi yang hampir sama besar. Berbeda halnya untuk domba lokal, distribusi alel yang ada didominasi oleh alel B yang mencapai angka diatas 70% sedangkan untuk alel A dan C relatif rendah yaitu kurang dari 20%.

Koefisien inbreeding

Nilai kuadrat tengah harapan (EMS) dari analisis sidik ragam, dimana output perhitungan SAS senantiasa tertulis sebagai komponen variasi menunjukkan bahwa ragam dalam individu (σ_w^2) dari kelima lokus relatif rendah. Namun demikian Tabel 3, menunjukkan bahwa lokus Tf memiliki nilai ragam yang terendah yaitu -0,016, sementara lokus lainnya nilai ragam yang didapat sedikit lebih besar yaitu berkisar antara -0,03 untuk lokus PTF sampai 0.13 untuk lokus Hb. Demikian juga nilai ragam antar individu dalam subpopulasi (σ_b^2) cenderung memiliki nilai yang rendah. Khususnya untuk lokus PALb memiliki nilai yang tertinggi dibanding dengan lokus lainnya yaitu Hb, Alb, Tf dan PTF. Kedua kondisi tersebut tentunya akan mempengaruhi nilai akhir perhitungan koefisien inbreeding (F) untuk masing-masing sumber keragaman. Untuk lebih jelasnya hasil perhitungan akhir dari sidik ragam menjadi nilai F tersaji pada Tabel 3.

Hasil analisis statistik terhadap frekuensi gen antar individu dalam subpopulasi (F_{IS}) menunjukkan bahwa lokus Hb (0,026), Alb (-0,004) dan Tf (-0,001) memiliki nilai koefisien *inbreeding* yang tidak berbeda nyata dengan nol. Ini mengandung pengertian bahwa kedua lokus tersebut secara statistik memenuhi keseimbangan hukum Hardy-Weinberg dan kedudukan gen yang ada tidak terjadi migrasi. Sebagaimana diketahui meskipun frekuensi gen antar individu dalam subpopulasi tersebut hanya lokus Hb dan Tf namun telah menggambarkan bahwa domba-domba yang ada di masyarakat maupun di Balai Pembibitan yang terambil sebagai sampel merupakan hasil perkawinan secara random dan belum ada kekuatan pihak lain yang berkeinginan untuk merubah frekuensi gen tersebut.

Apabila dilihat dari nilai koefisien inbreeding atas 2 gamet yang terambil random pada setiap subpopulasi (F_{ST}) dapat dilaporkan bahwa hampir semua lokus yang teruji, kecuali untuk Hb menunjukkan nilai F_{ST} yang didapat mendekati nilai nol. Sebagaimana yang terlihat pada Tabel 3 nilai F_{ST} yang mendekati nol masing-masing adalah sebagai berikut PTF (0,095), PALb (-0,003), Tf (0,061) dan Alb (0,018). Dengan sendirinya hal ini menggambarkan bahwa gen yang terdapat pada setiap subpopulasi masih memiliki nilai perbedaan genetik yang cukup tinggi karena nilai koefisien inbreedingnya rendah. Artinya bahwa pencampuran darah antar subpopulasi kecil kemungkinannya untuk terjadi perkawinan berkerabat dekat. Oleh karena itu keadaan ini dinyatakan sebagai kondisi yang masih

Tabel 3. Nilai kuadrat tengah harapan dan koefisien *inbreeding* (F) pada lima lokus yang teruji dari domba lokal dengan domba *St. Croix* dan *Merino*

| Uraian | Lokus | | | | |
|----------------------------------|------------|----------|------------|--------------|-----------------|
| | Hemoglobin | Albumin | Transferin | Post-Albumin | Post-Transferin |
| KT Harapan ^{*)} : | | | | | |
| Antar subpopulasi | 0,026101 | 0,025799 | 0,17426 | -0,00025 | 0,276455 |
| Antar individu dalam subpopulasi | 0,003488 | 0,000189 | 0,00002 | 0,045924 | 0,004046 |
| Dalam individu | 0,132353 | -0,04087 | -0,01699 | 0,042194 | -0,03496 |
| Total | 0,161941 | 0,25806 | 0,174183 | 0,088118 | 0,272409 |
| Koef. <i>Inbreeding</i> : | | | | | |
| F _{IT} | 0,182715 | 1,00147 | 1,00026 | 0,518339 | 1,02971 |
| F _{IS} | 0,025677 | -0,00465 | -0,00136 | 0,521165 | -0,13086 |
| F _{ST} | 0,161176 | 1,00073 | 1,00013 | -0,00283 | 1,01485 |

^{*)} Adalah nilai kuadrat tengah harapan

dalam keseimbangan hukum Hardy-Weinberg. Atau dengan istilah lain dapat dikatakan bahwa antar subpopulasi tidak ada kemampuan ternak untuk saling mencampuri dan perkawinan yang dilakukan masih terjadi secara acak.

Hasil perhitungan F_{IT} dapat dilaporkan bahwa kelima lokus yang teruji memberikan nilai yang relatif bergeser untuk menjauh dari nilai nol. Kondisi ini diduga karena pada sumber keragaman dimana individu dalam subpopulasi hanya memunculkan dua gen yang merupakan hasil perkawinan secara acak yaitu Tf dan Hb. Sedangkan nilai akhir F_{IT} merupakan bentuk gabungan ragam a dan b yang dibagi dengan total ragam maka akan berpengaruh terhadap kondisi frekuensi gen individu dalam totalnya.

Jarak genetik

Jarak genetik berdasarkan matriks penduga yang terdekat di antara rumpun domba lokal yang teruji ditunjukkan oleh rumpun domba Ciamis dengan Garut (0,38), kemudian disusul oleh domba rumpun Garahan dengan Sumatera (0,58) (Tabel 4). Gambaran hasil ini

tidak jauh dari laporan SUPARYANTO *et al.* (1999) sebelumnya yang didasarkan atas data morfologis. Sementara itu, domba introduksi baik *St. Croix* maupun *Merino* memiliki rentang jarak genetik yang relatif cukup jauh. Nilai matriks pendugaan jarak genetik antara rumpun domba Sumatera dengan Garut (1,17) relatif lebih jauh dibanding dengan rumpun domba Ciamis (0,84).

Sebagai pembandingan SINGH *et al.* (1979) melaporkan bahwa dari 6 rumpun domba yang mewakili 3 daerah yang berbeda yaitu rumpun *Rampu-Bushair* yang mewakili daerah beriklim sedang yaitu di pegunungan Himalaya, *Chokla, Jaisalmeri, Marwari Pattanwadi* merupakan rumpun domba yang berasal dari daerah kering bagian barat laut dan rumpun *Mandya* dibagian Selatan. Hasil yang didapat menunjukkan bahwa domba rumpun *Rampu Bushair* memiliki jarak pertalian genetik yang relatif lebih jauh terhadap domba *Mandya* (0,192). Sementara itu, dijelaskan pula bahwa rumpun *Mandya* sendiri memiliki jarak pertalian genetik yang relatif dekat dengan *Pattanwadi* (0,179) (SINGH *et al.*, 1979).

Tabel 4. Matriks pendugaan jarak genetik domba Indonesia, *Merino* dan *St. Croix*

| Bangsa Domba | Garut | Garahan | Sumatera | <i>Merino</i> | <i>St. Croix</i> |
|--------------|-------|---------|----------|---------------|------------------|
| Ciamis | 0,38 | 0,99 | 0,88 | 1,59 | 1,14 |
| Garut | - | 1,26 | 1,17 | 1,45 | 1,19 |
| Garahan | - | - | 0,58 | 1,76 | 1,06 |
| Sumatera | - | - | - | 2,10 | 1,35 |
| Merino | - | - | - | - | 1,42 |

Matriks jarak pertalian genetik yang paling dekat hasil laporan SINGH *et al.* (1979) didapat pada rumpun domba *Jaisalmeri* dengan *Marwari* (0,096) yang ternyata masih berasal dari satu daerah kering di bagian barat laut. Hal ini dapat dimengerti karena kedekatan yang terjadi merupakan hasil sistem migrasi ternak yang digembalakan dan diduga juga sebagai akibat tingginya frekuensi perpindahan tempat tinggal masa lalu sebagai masyarakat nomaden.

Pohon dendrogram menunjukkan bahwa posisi dimana domba Priangan yang termasuk di dalamnya adalah domba rumpun Ciamis dan Garut secara molekuler dapat diyakini memiliki pertalian jarak genetik yang dekat (Gambar 1). Hasil ini sejalan dengan SINGH *et al.* (1979), yang telah melaporkan bahwa jarak genetik terdekat didapat pada rumpun domba *Jaisalmeri* dengan *Marwari* yang masih berasal satu kawasan yaitu dari daerah kering di bagian Barat laut. Hal yang sama telah dilaporkan SUPARYANTO *et al.* (1999) melalui data kuantitatif morfologi. Kondisi tersebut memperjelas bahwa kedekatan daerah memberikan kontribusi yang cukup kuat bagi penentuan jauh dekatnya jarak pertalian genetik antar subpopulasi pada lingkungan masyarakat yang terbuka.

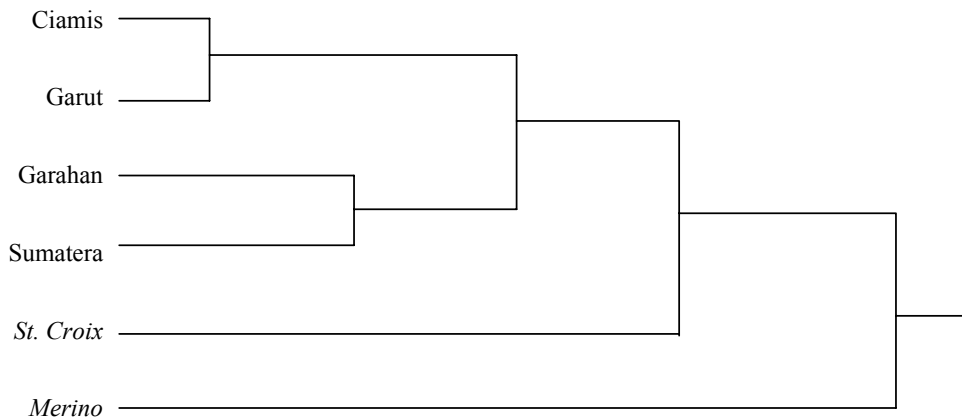
Rumpun domba Garahan memiliki jarak pertalian genetik yang sedang dengan rumpun domba Sumatera. Pengertiannya bahwa perbedaan genetik sudah mampu menjadikan kedua rumpun yang secara geografis berjauhan untuk menjadi berbeda. Kriteria jarak yang dimaksud tersebut di atas didasarkan pada panjangnya cabang pohon dendrogram, dimana tampak jelas bahwa posisi skala cabang kedekatan tidak sependek sebagaimana yang terjadi antara rumpun domba Ciamis dengan Garut. Secara kualitatif perbedaan tersebut ditampilkan oleh besarnya perbedaan karakteristik dari besarnya frekuensi alel pada masing-masing lokus sebagaimana yang disajikan pada Tabel 2.

Domba introduksi menunjukkan bahwa baik *St. Croix* maupun *Merino* memiliki jarak pertalian genetik yang cukup jauh dengan domba lokal di Indonesia. Hal yang menarik bahwa kedua domba introduksi tersebut tidak memiliki pertalian genetik secara langsung. Fenomena ini ditunjukkan dari bentuk pohon yang saling terpisah cabang pertalian genetiknya. Hasil ini membantu keraguan tentang keaslian domba Garut yang sudah banyak tercemari oleh domba introduksi seperti *Merino* yang dimasukkan sekitar tahun 1970-an.

Jauhnya jarak pertalian genetik antara domba Garut dengan *Merino* akan mengaburkan beberapa pendapat yang menyatakan bahwa domba Garut merupakan domba komposit hasil persilangan tiga bangsa yaitu *Caapstad* (Cape dari Afrika) yang didatangkan oleh K.F. Hole, *Merino* dan Ekor Gemuk yang sudah teradaptasi dengan baik terhadap lingkungan yang ada (MERKENS dan SOEMIRAT, 1926; MASON, 1980 dan TRIWULANINGSIH *et al.*, 1981). Selain itu didasarkan pada laporan original ORDAS dan SAN PRIMITIVO (1986) yang menyatakan bahwa pendugaan jarak pertalian genetik yang paling kuat terjadi antar bangsa atau rumpun, sementara untuk antar flock dalam rumpun yang sama dengan tempat peternakan yang berbeda masih tetap menunjukkan kedekatan pertalian jarak genetiknya.

KESIMPULAN

Pada pembahasan di atas dapat ditarik kesimpulan bahwa dari 5 lokus yang diuji semuanya memberikan polimorfisme, baik terhadap domba lokal Indonesia maupun domba introduksi *Merino* dan *St. Croix*. Ragam pita protein yang paling tinggi ditunjukkan oleh lokus transferin dengan beberapa karakteristik distribusi oleh masing-masing rumpun domba. Sementara hasil analisis koefisien inbreeding untuk antar subpopulasi masih



Gambar 1. Pohon dendrogram jarak pertalian genetik domba lokal dengan *St. Croix* dan *Merino*

menunjukkan kondisi gen yang berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg dan tidak ada kemampuan ternak untuk saling mencampuri sehingga perkawinan yang dilakukan masih terjadi secara acak.

Rumpun domba Ciamis dengan domba Garut memiliki nilai matriks jarak pertalian genetik yang paling kecil. Hal ini menjadikan kedua rumpun tersebut memiliki cabang pohon dendogram yang terdekat dibanding dengan rumpun domba lainnya. Sementara untuk dua rumpun domba introduksi tidak memiliki keterkaitan hubungan genetik antar keduanya. Demikian juga terhadap domba lokal keduanya memiliki cabang pohon dendogram yang relatif jauh dan tidak terkait secara langsung.

Tidak munculnya alel D pada lokus albumin yang terjadi pada domba rumpun Ciamis menunjukkan adanya penyimpangan dan sesuatu hal yang belum diketahui telah terjadi pada subpopulasi rumpun tersebut. Demikian juga munculnya alel F pada lokus transferin domba rumpun Sumatera menjadikan kedua fenomena tersebut membutuhkan verifikasi hasil yang jelas. Oleh karena itu dipandang perlu dilakukan adanya penelitian molekuler yang lebih mendalam dan lebih akurat.

DAFTAR PUSTAKA

- ARCHIBALD, A. L. and J. WEBSTER. 1986. A new transferrin allele in sheep. Short Communication. *Anim. Gen.* 17 : 191-194.
- ASTUTI, M. 1997. Estimasi jarak genetik antar populasi kambing Kacang, kambing Peranakan Etawah dan kambing Lokal berdasarkan polimorfisme protein darah. *Bull. Peternakan* 21 : 1-9.
- ERHARDT, G. 1986. Transferrin variants in sheep : Separation and characterization by polyacrylamide gel electrophoresis and isoelectric focusing. Tech. Paper. *Anim. Gen.* 17 : 343-352.
- FARAJALLAH, D. P. 1995. Fluktuasi Genetik Monyet Ekor Panjang (*Macaca Fascicularis*) Asal Jatibarang, Jawa Barat Tahun 1984-1994. Thesis Program Pascasarjana Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- GAHNE, B., R. K. JUNEJA and J. GROLMUS. 1977. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping on transferrin, post-transferrin, albumin and post-albumin in the blood plasma of cattle. *Anim. Blood Groups and Biochem. Gen.* 8 : 127-137.
- HARTL, D. L. and A. G. CLARK. 1997. Principles of Population Genetics. Third Edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Sunderland, Massachusetts.
- KUMAR S., K. TAMURA and M. NEI. 1993. Molecular Evolutionary Genetics Analysis. Ver. 1.01, Institute of Molecular Evolutionary Genetics. The Pennsylvania State University. University Park, PA. 16802. USA.
- LEVINE, J. and S. KARO-KARO. 1985. Secondary village level data for fifteen villages of kecamatan Sibolangit, Galang and Perbaung Kabupaten Deli Serdang, North Sumatera. Working Paper No. 48. Applied Agricultural Research Project. Research Institute for Animal Production.
- MARTOJO, H., I. K. ABDULGANI dan S. S. MANSJOER. 1984. Studi filogenetik ternak kambing di Indonesia. Proceeding Pertemuan Ilmiah Penelitian Ruminansia Kecil. Domba dan Kambing. Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Bogor : 151-155.
- MASON, I. L. 1980. Prolific Tropical Sheep. FAO Animal Production and Health Paper. Food and Agriculture Organization of the United Nation, Rome.
- MERKENS, J. and R. SOEMIRAT. 1926. Contribution knowledge of sheep breeding in the Dutch East Indies. Translated by Verwilghen, J., T. Van Schie, E. Mutter and N. Hidayati. In: Iniguez, L., T. Soedjana and Subandriyo (Eds) A Publication of the Indonesian Small Ruminant Research Network (ISRN) : 8-17.
- MOODY, G. J. and J. D. R. THOMAS. 1975. Practical Electrophoresis. University of Wales Institute of Science and Technology, Cardiff, Wales.
- MULLIADI, D. 1996. Sifat Fenotipik Domba Priangan di Kabupaten Pandeglang dan Garut. Desertasi Program Pascasarjana. Institut Pertanian Bogor.
- NEI, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press. New York.
- ORDAS, J. G. and F. SAN PRIMITIVO. 1986. Genetic variations in blood proteins within and between Spanish dairy sheep breeds. *Anim. Gen.* 17 : 255-266.
- SAITOU, N. 1991. Statical methods for phylogenetic tree reconstruction. In: C.R. Rao and R. Chakraborty Eds. *Handbook of Stastics* Vol. 8. Elsevier Science Publisher B.V.
- SAS, 1987. SAS/STAT Guide for Personal Computers. Version 6 Edition. SAS Institute Inc. Cary, NC.
- SINGH, H. P., P. N. BHAT, B. L. RAINA and R. SINGH. 1979. Phylogenetic relationships between indigenous sheep breeds. *Indian J. Anim. Sci.* 49 (11) : 910-915.
- SMOUSE, P. E. and J. C. LONG. 1988. A comparative F-statistics analysis of the genetic structure of human population from Lowland South America and Highland New Guinea. In: Proceedings of The Second International Convergence on Quantitative Genetics. Edited by B.S. Weir., M.M. Goodman, E.J. Eisen and G. Namkoong. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Sunderland, Massachusetts: 32-46.
- SUBANDRIYO, B. SETIADI, E. HANDIWIRAWAN dan A. SUPARYANTO. 2000. Performans domba komposit hasil persilangan antara domba lokal Sumatera dengan domba rambur pada kondisi dikandangan. *JITV.* 5 : 73-83.

- SUPARYANTO, A., T. PURWADARIA dan SUBANDRIYO. 1999. Pendugaan jarak genetik dan faktor peubah pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui pendekatan analisis morfologi. *JITV* 4 : 80-87.
- TRIWULANINGSIH, E., P. SITORUS, L.P. BATUBARA dan K. SURADISASTRA. 1981, Performans domba Garut. *Bull. LPP* Bogor. No. 28: 1-13.
- TIESNAMURTI, B., SUBANDRIYO, B. SUDARYANTO, A. SUPARYANTO dan S.W. HANDAYANI. 1998. Keragaan biologi domba ekor tipis lokal di Jawa Barat dan Sumatera Utara. *Plasma Nutfah*. 3 (1) : 46-54.