

**KERAGAMAN GENETIK DAN ASAL USUL
KAMBING LOKAL INDONESIA TIMUR
BERBASIS DNA MITOKONDRIA D-LOOP**

SKRIPSI

**MUHAMMAD DZARIYAT ZULFINAS
I 011181439**



**FAKULTAS PETERNAKAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2024**

**KERAGAMAN GENETIK DAN ASAL USUL
KAMBING LOKAL INDONESIA TIMUR
BERBASIS DNA MITOKONDRIA D-LOOP**

SKRIPSI

**MUHAMMAD DZARIYAT ZULFINAS
I 011181439**

**Skripsi sebagai Salah Satu Syarat untuk Memperoleh
Gelara Sarjana Peternakan pada Fakultas Peternakan
Universitas Hasanuddin**

**FAKULTAS PETERNAKAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2024**

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Muhammad Dzariyat Zulfinas

NIM : 111181439

Menyatakan dengan sesungguhnya bahwa skripsi yang saya tulis dengan judul: **Keragaman Genetik dan Asal Usul Kambing Lokal Indonesia Timur Berbasis DNA Mitokondria D-Loop** adalah asli.

Apabila sebagian atau seluruhnya dari karya skripsi ini tidak asli atau plagiasi maka saya bersedia dikenakan sanksi akademik sesuai peraturan yang berlaku.

Demikian pernyataan ini dibuat untuk dapat digunakan sebagaimana mestinya.

Makassar, Juni 2024

Peneliti

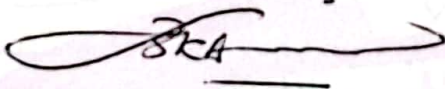


Muhammad Dzariyat Zulfinas

HALAMAN PENGESAHAN

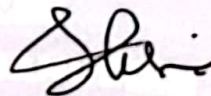
Judul Skripsi : Keragaman Genetik dan Asal Usul Kambing Lokal
Indonesia Timur Berbasis DNA Mitokondria D-Loop
Nama : Muhammad Dzariyat Zulfinas
NIM : 1011181439

Skripsi ini Telah Diperiksa dan Disetujui oleh :



Prof. Rr. Sri Rachma A.B., M.Sc., Ph.D

Pembimbing Studi



Dr. Muh. Ihsan A. Dagong, S.Pt., M.Si

Pembimbing Pendamping



Dr. Agr. Ir. Renny Fatmyah Utamy, S.Pt., M.Agr., IPM.

Ketua Program Studi

Tanggal Lulus : 1 Juli 2024

RINGKASAN

MUHAMMAD DZARIYAT Z. I011181439. Keragaman Genetik dan Asal Usul Kambing Lokal Indonesia Timur Berbasis DNA Mitokondria D-Loop. Pembimbing Utama: **Rr. Sri Rachma A. B.** dan Pembimbing Anggota: **Muh. Ihsan A. Dagong.**

Indonesia Timur memiliki beberapa rumpun kambing seperti kambing Lakor dari Pulau Lakor, Kabupaten Maluku Barat Daya, Provinsi Maluku dan kambing Kacang khususnya dari Kepulauan Selayar, Sulawesi Selatan. Informasi mengenai genetik kambing Indonesia Timur masih sangat minim, padahal informasi ini sangat penting sebagai bentuk eksplorasi dan konservasi. Penelitian ini bertujuan untuk memahami keragaman dan asal usul kambing lokal Indonesia Timur melalui mtDNA D-loop. Metode penelitian yang dilakukan yaitu sampel darah yang telah dikoleksi diekstraksi, diamplifikasi pada sekuen D-loop, dan disekuensing. Hasil sekuensing dianalisis secara bioinformatik menggunakan aplikasi MEGA. Panjang pasang basa dari hasil sekuensing setelah disejajarkan dengan *C. hircus* pada HV1 adalah 481 bp. Analisis dilakukan pada variabel komposisi nukleotida, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni. Komposisi nukleotida menunjukkan bahwa persentase nukleotida kambing Lakor mirip dengan kambing Kacang (kecuali K1) dan berbeda dengan kambing Kejobong dan Saanen. *Haplotype* menunjukkan adanya variasi kambing Lakor (L37 dan L43; L59) dan Kacang (K1; K19 dan K28) akibat mutasi. Berdasarkan jarak genetik terdapat keragaman yang tinggi sesama maupun antar rumpun. Pohon filogeni menunjukkan bahwa kambing Lakor dan Kacang terklaster bersama kambing lokal lain pada *haplogroup* B. Kambing lokal Indonesia diduga merupakan keturunan kambing Bezoar yang berasal dari proses migrasi melalui jalur Asia Tengah. Keragaman kambing disebabkan oleh hasil rekombinasi, mutasi, hingga seleksi alam yang terjadi selama bertahun-tahun. Kesimpulan, kambing Lakor dan Kacang merupakan rumpun kambing tersendiri dengan keragaman sesama rumpun yang tinggi. Peningkatan mutu dan penambahan data genetik kambing lokal Indonesia Timur sangatlah diperlukan.

Kata Kunci: Amplifikasi, Ekstraksi, Kambing Lakor, mtDNA D-Loop, Amplifikasi, Sekuensing

SUMMARY

MUHAMMAD DZARIYAT Z. I 011181439. Genetic Diversity and Origin of Local Goat from Eastern Part of Indonesia through mtDNA D-Loop Analysis. Supervisor: **Rr. Sri Rachma A. B.** and Co-Supervisor: **Muh. Ihsan A. Dagong.**

Eastern Indonesia is home to several goat breeds, including the Lakor goat from Lakor Island, Southwest Maluku Regency, Maluku Province, and the Kacang goat, especially from the Selayar Islands, South Sulawesi. Information on the genetics of Eastern Indonesian goats is still very limited, although this information is crucial for exploration and conservation efforts. This study aims to understand the diversity and origin of local Eastern Indonesian goats through mtDNA D-loop analysis. Blood samples collected were extracted, amplified in the D-loop sequence, and sequenced. The sequencing results were analyzed bioinformatically using the MEGA application. The base pair length of the sequencing results, when aligned with *C. hircus* at HV1, was 481 bp. The analysis included nucleotide composition, haplotypes, genetic distance, and phylogeny trees. The nucleotide composition showed that the nucleotide percentages of the Lakor goats were similar to those of the Kacang goats (except K1) and differed from the Kejobong and Saanen goats. Haplotype analysis indicated variations in Lakor goats (L37 and L43; L59) and Kacang goats (K1; K19 and K28) due to mutations. Genetic distance analysis revealed high diversity within and between breeds. The phylogenetic tree showed that Lakor and Kacang goats clustered together with other local goats in haplogroup B. Local Indonesian goats are suspected to be descendants of the Bezoar goat, originating from migration routes through Central Asia. The diversity in goats is due to recombination, mutation, and natural selection processes occurring over many years. In conclusion, Lakor and Kacang goats are distinct breeds with high rate of diversity. There is a critical need for the improvement and addition of genetic data on local Eastern Indonesian goats.

Keywords: Amplification, Extraction, Lakor Goat, mtDNA D-Loop, Sequencing

KATA PENGANTAR

Assalamualaikum Warahmatullahi Wabarakatuh

Segala puji bagi Allah SWT yang telah memberikan penulis kemudahan sehingga dapat menyelesaikan skripsi ini tepat pada waktunya. Tak lupa pula penulis haturkan shalawat serta salam kepada junjungan baginda Nabi Muhammad shallallahu'alaihi wasallam, yang telah memimpin umat islam dari jalan addinul yang penuh dengan cahaya kesempurnaan. Penulis mengucapkan syukur kepada Allah SWT atas limpahan nikmat sehat-Nya sehingga penulis mampu menyelesaikan pembuatan skripsi dengan judul "Identifikasi Asal Usul Kambing Lokal Indonesia Timur Berbasis DNA Mitokondria D-Loop". Limpahan rasa hormat, kasih sayang, cinta dan terima kasih tiada tara, penulis sampaikan kepada:

1. Kedua orang tua penulis yakni ibunda Rahmawati dan ayahanda Zulfinas Indra yang senantiasa memberikan bantuan dan doa dalam menyelesaikan skripsi ini. Serta kepada Dato' Atta, Dato' Mama, Dato' Tuju, dan Dato' Bia yang juga tak henti-hentinya memotivasi penulis untuk menyelesaikan skripsi ini.
2. Prof. Rr. Sri Rachma A.B., M.Sc., Ph.D dan Dr. Muhammad Ihsan A. Dagong, S.Pt., M.Si. selaku dosen pembimbing yang senantiasa meluangkan waktu, tenaga dan pikiran dalam mengarahkan dan membimbing penulis dalam menyusun skripsi ini.
3. Prof. Dr. Ir. Lellah Rahim, M.Sc., IPU, ASEAN Eng. dan Dr. Muhammad Hatta, S.Pt., M.Si selaku dosen pembahas yang telah membantu memberi masukan demi penyempurnaan skripsi ini.

4. Seluruh dosen peternakan yang telah membantu dan mendidik penulis, terutama kepada Prof. Dr. Ir. Jasmal A. Syamsu S.Pt., M.Si., IPU, drh. Kusumandari Indah Prahesti, ASEAN Eng, M. Fadhlirrahman Latief, S.Pt., M.Si., Dr. Ir. Muh. Ridwan, S.Pt., M.Si., IPU, Dr. Ir. Siti Nurlaelah, S.Pt., M.Si., IPM, Dr. Ir. Zulkharnaim, S.Pt., M.Si., IPM, dan Dr. Agr. Ir. Renny Fatmyah Utamy, S.Pt., M.Agr., IPM.
5. Prof. Hideyuki Mannen selaku dosen dari Kobe University, Jepang yang telah memberikan kesempatan kepada penulis bergabung dalam penelitian beliau.
7. Seluruh staff dalam lingkup Fakultas Peternakan dan Rektorat Universitas Hasanuddin
8. Seluruh sahabat yang senantiasa melangkah bersama yakni Husnul Qhatimah, Asrullah As, Wandu Saputra, Erickson Parinding, Ihsan Maulana MZ, Munawwara Ildana, Muh. Asiddik N., Jabal Nur, Pramodya Moh., Malloangeng, Fikri Haikal, Muhammad Zulkifli, Alwi Mattara, Abdul Hafizh Siddiq, dan Ismi Husnul Fauzia S. serta senior-senior saya yaitu Ridha, Ahmad Fajar, Gidion Lanu Pakendek, Wahyu Jaelani, Rini Wahyuni, Aan Darmawan Saputra, Relli, Fadhil Muharram, Mustakar Yusuf, Fajriani Mutmainnah, dan lainnya yang tidak sempat saya sebutkan satu-persatu.
9. Fossil Unhas, Crew Pemuliaan, Humanika Unhas, GenBI, Akademi Mapres Unhas, UKM Karate Unhas, Crane 18, NIAPP 2020, NTI 360, tim laboran lab kimia pakan, dan grup Facebook Molecular Biology Enthusiast yang telah membantu penulis selama menjadi mahasiswa.

Penulis menyadari bahwa skripsi ini masih jauh dari kesempurnaan. Oleh karena itu, kritik serta saran pembaca dapat disampaikan melalui email

dzariyat17@gmail.com. “Yang fana adalah waktu, kita abadi” -Alm. Sapardi Djoko Damono.

Makassar, Juni 2024

Muhammad Dzariyat Zulfinas

DAFTAR ISI

	Halaman
DAFTAR ISI	x
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
BAB I PENDAHULUAN	1
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1. Asal Usul dan Persebaran Kambing	5
2.2. Gambaran Umum Kambing Lokal Indonesia Timur	8
2.3. Mitokondria DNA D-Loop	11
2.4. <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	13
BAB III METODE PENELITIAN	16
3.1. Waktu dan tempat penelitian	16
3.2. Materi penelitian	16
3.3. Tahapan dan prosedur penelitian	17
3.4. Analisis data	24
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	27
4.1. Hasil Amplifikasi dan Sekuensing DNA	27
4.2. Komposisi Nukleotida	28
4.3. <i>Haplotype</i>	30
4.4. Jarak Genetik	33
4.5. Pohon Filogeni	35
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	41
5.1. Kesimpulan	41
5.2. Saran	41
DAFTAR PUSTAKA	43
LAMPIRAN	50
BIODATA PENELITI	51

DAFTAR TABEL

No.	Halaman
1.	Lokasi Penyebaran <i>Haplogroups</i> Kambing di Dunia 6
2.	Rumpun Kambing, Lokasi, dan Jumlah Sampel Kambing 18
3.	Komposisi PCR Sampel Kambing..... 21
4.	Beberapa Rumpun Kambing sebagai Pembanding (<i>reference genome</i>)..... 25
5.	Persentase Komposisi Nukleotida Beberapa Rumpun Kambing Lokal dibandingkan dengan <i>C. hircus</i> (AB044303) 29
6.	Haplotype Sampel Kambing Lokal..... 32
7.	Jarak Genetik antara Kambing Dibandingkan dengan <i>C. hircus</i> (AB044303). 33

DAFTAR GAMBAR

No.	Halaman
1. Jalur Migrasi Kambing.....	7
2. Lokasi Pulau Lakor.....	7
3. Kambing Lakor.....	8
4. Lokasi Kepulauan Selayar.....	10
5. Kambing Kacang Selayar.....	11
6. Daerah D-Loop.....	13
7. Siklus PCR.....	15
8. Diagram Alir Prosedur Penelitian.....	18
9. Hasil Elektroforesis Produk PCR D-Loop.....	27
10. Polimorfisme mtDNA D-loop kambing mengacu pada <i>C. hircus</i> (AB044303) (kolom angka dibaca secara vertikal menunjukkan posisi nukleotida).....	30
11. Pohon Filogeni Kambing Berdasarkan <i>Haplogroup</i> dan Spesies (<i>Capra sp.</i>).....	37

DAFTAR LAMPIRAN

No.	Halaman
1. Dokumentasi	43

BAB I

PENDAHULUAN

Latar Belakang

Kambing lokal merupakan salah satu jenis ternak ruminansia kecil yang banyak dipelihara oleh masyarakat dan merupakan plasma nutfah asli dari Indonesia yang mendominasi dari total populasi kambing yang ada (Destomo et al., 2017). Keragaman kambing lokal merupakan bagian dari kekayaan Sumber Daya Genetik (SDG) hewan yang disahkan oleh Peraturan Pemerintah (PP) No. 48 Tahun 2011 tentang sumber daya genetik hewan dan perbibitan ternak. Keragaman kambing lokal Indonesia berpotensi untuk dikembangkan dan dimanfaatkan untuk menghasilkan galur baru yang unggul (Pemerintah Republik Indonesia, 2011), namun nyatanya masih banyak rumpun kambing lokal yang belum dikarakterisasi dan mungkin sudah ada yang hampir punah padahal belum sempat digali tentang informasi dan potensi keragaman genetiknya (Pamungkas et al., 2009). Banyak ternak lokal termasuk kambing yang harus dilestarikan melalui kegiatan pelestarian antara lain pencarian dan pengumpulan SDG hewan (eksplorasi), identifikasi, karakterisasi, inventarisasi dan evaluasi. Salah satu cara untuk mengeksplor kekayaan SDG hewan untuk memperoleh informasi genotip hewan adalah melalui pendekatan molekuler (Sudrajad et al., 2021). Kambing lokal Indonesia memiliki keragaman tinggi yang tampak pada beragamnya fenotip dan informasi genotip yang berbeda-beda. Keragaman genotip pada kambing lokal terlihat pada adanya keragaman susunan nukleotidanya. Salah satu kawasan Indonesia yang mempunyai banyak rumpun kambing lokal adalah Indonesia Timur atau yang biasa disebut Kawasan Indonesia Timur (KTI).

Beberapa daerah yang terdapat di Indonesia Timur seperti Sulawesi dan Maluku memiliki rumpun kambing lokal tersendiri dengan berbagai kelebihan masing-masing, kambing tersebut adalah kambing Lakor dan kambing Kacang. Kambing Lakor merupakan rumpun kambing Indonesia yang berasal dari Pulau Lakor, Kabupaten Maluku Barat Daya, Provinsi Maluku. Kambing Lakor memiliki berbagai keunggulan seperti daya aklimatisasinya yang tinggi terhadap lingkungan ekstrim dan mutu pakan yang rendah (Siwa, 2020). Kambing Lakor sebagai ternak unggul memiliki potensi yang sangat tinggi untuk dikembangkan. Akan tetapi, sampai saat ini informasi dari kambing Lakor khususnya informasi genotip masih sangat terbatas meskipun kambing Lakor telah disahkan menjadi rumpun ternak lokal unggul berdasarkan Peraturan Menteri Pertanian nomor 2912/Kpts/OT.140/6/2011 (Pemerintah Republik Indonesia, 2011). Selain kambing Lakor, rumpun kambing lokal lainnya adalah kambing Kacang yang terdapat di hampir seluruh wilayah Indonesia khususnya Sulawesi.

Kambing Kacang banyak dijumpai di daerah Sulawesi Selatan yang memiliki ciri yakni berpostur kecil pendek, kepala kecil dengan profil hidung lurus, telinga tegak, dan warna bulu umumnya putih, hitam, cokelat, maupun kombinasi ketiganya (Batubara et. al., 2012). Kelebihan lainnya yaitu kambing Kacang tahan terhadap suhu dan penyakit (Rusli dan Padli, 2020). Kambing kacang telah ditetapkan sebagai rumpun kambing asli Indonesia melalui Peraturan Menteri Pertanian nomor 2840/Kpts/LB.430/8/2012 (Pemerintah Republik Indonesia, 2011). Informasi genetik dari kambing yang berada di Indonesia Timur sangat penting untuk diteliti untuk memahami keragaman genetik dan asal usul kambing lokal Indonesia Timur.

Keragaman susunan nukleotida yang khas antara setiap kelompok sub populasi kambing dapat digunakan sebagai penciri DNA antar rumpun kambing (Batubara et al., 2011). Salah satu cara untuk memahami keragaman genetik kambing Lakor dapat menggunakan mitokondria DNA (mtDNA) pada region D-loop (*displacement-loop*) (Batubara et al., 2011). Daerah D-loop mtDNA adalah *control region* (daerah yang tidak mengkode protein) yang sering digunakan dalam banyak penelitian untuk mengetahui tentang perbedaan genetik, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni (Liu et al., 2013).

Perbandingan antara D-loop kambing lokal Indonesia Timur yaitu kambing Kacang dan Lakor dengan rumpun kambing lain (*outgroup*) seperti Kejobong dari Indonesia Barat dan Saanen dari luar Indonesia melalui komposisi nukleotida, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni sangat penting dilakukan untuk memahami identifikasi asal-usul kambing Indonesia Timur secara lengkap. Oleh karena itu studi mtDNA D-loop pada kambing lokal Indonesia Timur bernilai penting sebagai salah satu usaha mempertahankan SDG Hewan sebagai plasma nutfah yang dapat dikembangkan ke arah ternak yang lebih fungsional.

Rumusan Masalah

1. Informasi tentang genom mitokondria DNA (mtDNA) D-loop kambing lokal Indonesia Timur sebagai bentuk eksplorasi dalam konservasi ternak lokal sangat minim.
2. Analisis komposisi nukleotida, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni kambing lokal Indonesia Timur (dibandingkan dengan kambing lainnya) berdasarkan mtDNA D-loop sebagai penentu keragaman genetik dan asal usul kambing sangat minim.

Tujuan dan Kegunaan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk memahami keragaman genetik dan asal usul kambing lokal Indonesia Timur sebagai bentuk eksplorasi dan konservasi ternak lokal melalui sekuen daerah D-loop DNA mitokondria.

Kegunaan penelitian ini adalah memberikan informasi mengenai keragaman genetik kambing Lakor berdasarkan analisis sekuen daerah D-loop DNA mitokondria. Seluruh informasi kambing tersebut digunakan untuk mengetahui keragaman dan asal-usul kambing melalui analisis komposisi nukleotida, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni agar dapat dijadikan acuan dalam menjaga plasma nutfah, strategi konservasi, pemurnian kambing lokal, serta pengembangan perbaikan mutu genetik beberapa kambing lokal di Indonesia.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1. Asal Usul dan Persebaran Kambing

Indonesia adalah negara dengan biodiversitas tinggi atau *Mega Biodiversity*, salah satu hewan yang beragam di Indonesia adalah kambing. Kambing domestikasi (*Capra hircus*) memiliki karakteristik yang mudah beradaptasi sehingga banyak tersebar di berbagai benua, salah satunya di Indonesia (Chenyambuga, 2002; Peacock, 2005). Beberapa rumpun kambing yang diduga merupakan nenek moyang dari rumpun kambing yang ada di dunia yaitu kambing Bezoar (*Capra aegagrus*) yang berasal dari daerah Eropa Timur, Timur Tengah, dan Asia; serta kambing Markhor (*Capra falconeri*) yang berasal dari daerah Asia Tengah, Karakoram, hingga Himalaya. Kambing Bezoar diduga adalah nenek moyang dari kambing Lokal (*Capra hircus*) (Harris, 1962; Takada et al., 1997; Mannen et al., 2001; Pakpahan et al., 2015).

Kombinasi beberapa hasil penelitian dan temuan arkeologi menunjukkan bahwa kambing domestikasi mempunyai asal usul dari beberapa garis keturunan ibu (*maternal origins*). Kambing domestik dapat dikelompokkan menjadi empat garis kelompok keturunan utama atau *Lineage*. *Lineage A* adalah kelompok kambing domestikasi yang paling beragam dan luas penyebarannya di seluruh dunia. *Lineage B* menyebar di daerah Asia Selatan, Asia Timur (Tiongkok Selatan dan Mongolia), hingga Asia Tenggara. *Lineage C* menyebar di sekitar daerah Mongolia, Tiongkok Barat Laut dan Selatan, Bhutan, India, Pakistan, hingga Eropa. *Lineage D* menyebar di daerah Mongolia, Tiongkok Timur Laut, Pakistan, India, hingga Eropa Utara. Selain itu, pengelompokan kambing juga dilakukan menjadi

enam *haplogroups* yaitu menambahkan *haplogroups* F dan G. *Lineage F* menyebar di daerah Sicilia dan *lineage G* menyebar di daerah Timur Tengah dan Afrika Utara (Lin et al., 2012; Pakpahan et al., 2015). Seluruh *haplogroup* kambing disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Lokasi Penyebaran *Haplogroups* Kambing di Dunia

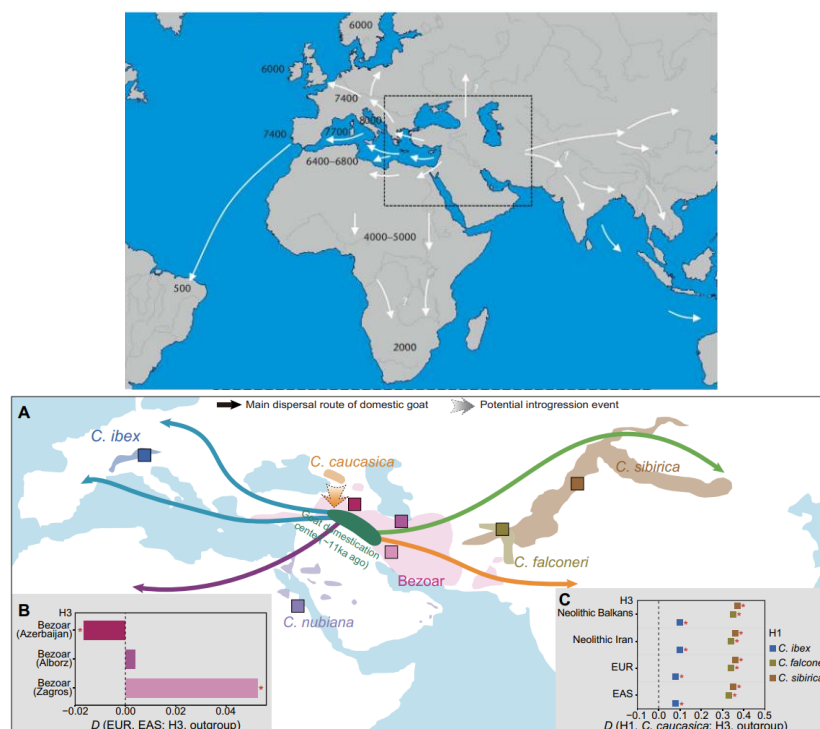
<i>Haplogroups</i>	Daerah Penyebaran
A	Hampir di seluruh dunia
B	Asia Selatan, Asia Timur, hingga Asia Tenggara
C	Mongolia, Tiongkok Barat Laut dan Selatan, Bhutan, India, Pakistan, India, hingga Eropa
D	Mongolia, Tiongkok Timur Laut, Pakistan, India, hingga Eropa Utara
F	Sicilia
G	Timur Tengah dan Afrika Utara

Sumber: Pakpahan dkk., 2015; Lin dkk., 2012; Batubara dkk., 2011; Mannen dkk., 2020.

Pakpahan et al. (2015) telah melakukan pengujian genetik berdasarkan pohon filogeni pada delapan jenis kambing lokal yakni Samosir, Muara, PE, Jawarandu, Kacang, Lakor, Gembrong, dan Marica. Hasil yang didapatkan menunjukkan bahwa kambing lokal Indonesia berasal dari satu *lineage* yang sama yaitu *lineage B*. Penggunaan sampel yang lebih banyak sangat diperlukan untuk mengkarakterisasi atau memetakan DNA mitokondria yang lebih lengkap (Batubara, 2011)

Beberapa peneliti menduga bahwa kambing domestikasi yang ada di dunia berasal dari kambing Bezoar (*Capra aegagrus*) (Harris, 1962; Zeuner, 1963; Mannen et al., 2001; Pereira and Amorim, 2010; Zheng et al., 2020). Kambing didomestikasi juga diduga pertama kali sekitar 11,000 tahun yang lalu dimulai dari daerah sekitar laut Mediterranean, pegunungan Zagros, dan Anatolia (Pereira dan Amorim, 2010; Zheng et al., 2020). Pada saat benua masih terhubung, kambing melakukan migrasi dari wilayah dingin menuju wilayah hangat karena kondisi

iklim yang masih sangat tidak stabil. Migrasi pada mamalia seperti kambing hanya dapat dilakukan melalui darat, akan tetapi pada kondisi tertentu juga dapat menyeberangi laut ketika laut membeku karena cuaca dingin ataupun juga dibawa oleh manusia (Mayr, 2019). Pulau Lakor berada di antara garis Wallace dan Weber yang berarti Pulau Lakor sama halnya dengan pulau Sulawesi tidak menyatu dengan daratan Asia maupun daratan Australia sehingga kemungkinan lebih besar bahwa kambing Lakor dibawa oleh manusia maupun bermigrasi menyeberangi laut. Terdapat beberapa jalur migrasi yang dilalui kambing menuju Asia Tenggara, salah satunya melalui jalur Asia Tengah yang merupakan tempat ditemukannya kambing Markhor (*C. falconeri*) sehingga juga dipercaya ikut mempengaruhi genetik kambing domestikasi (Pereira dan Amorim, 2010; Zheng et al., 2020). Jalur lainnya yang diduga adalah melalui Asia Barat Daya – Asia Selatan (Pereira dan Amorim, 2010).



Gambar 1. Jalur Migrasi Kambing
 Sumber: Pereira dan Amorim (2010); Zheng et al. (2020)

2.2. Gambaran Umum Kambing Lokal Indonesia Timur

Kawasan Indonesia Timur menyimpan banyak rumpun kambing lokal yang dapat dimanfaatkan sebagai ternak unggul. Beberapa rumpun kambing lokal yang ada di antaranya adalah kambing Kacang dan kambing Lakor. Kambing Lakor merupakan salah satu ternak unggul lokal dari Pulau Lakor, Kabupaten Maluku Barat Daya, Provinsi Maluku (Gambar 2). Keberadaan ternak kambing Lakor diyakini oleh masyarakat setempat telah ada sejak dahulu, diwariskan secara turun temurun dan menjadi salah satu kekayaan genetik ternak asli Indonesia yang harus dilindungi dan dilestarikan (Lelloltery et al., 2021). Berdasarkan berbagai informasi dari tetua di Pulau Lakor, kambing Lakor diduga dibawa oleh pedagang Arab dan/atau India sebelum masa penjajahan dengan tujuan perdagangan rempah-rempah. Pedagang tersebut menukarkan (barter) kambing yang dibawa dari negara asalnya dengan air tawar untuk menambah persediaan logistik selama berlayar. Kambing itulah yang dipelihara oleh masyarakat secara turun temurun (Bugiwati, 2024). Sampai saat ini belum ada pengontrolan perkawinan kambing Lakor yang baik dan benar mengakibatkan performa kambing Lakor kian menurun akibat dari *inbreeding depression*.



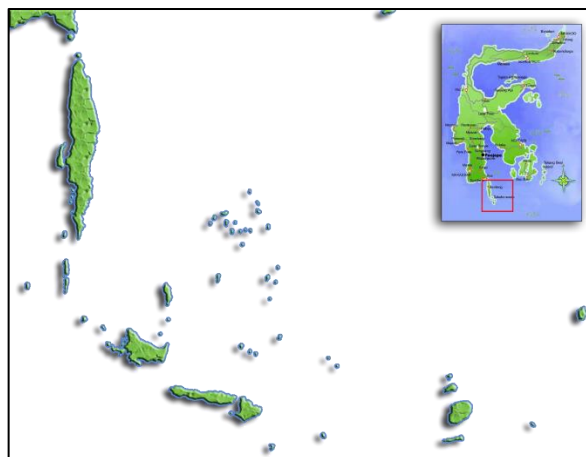
Gambar 2. Lokasi Pulau Lakor
Sumber: Google Maps (2024)

Kambing Lakor memiliki beberapa keunggulan komparatif, antara lain, daya aklimatisasinya yang tinggi terutama pada kondisi lingkungan yang ekstrim panas, dapat beradaptasi pada kondisi pakan bermutu rendah, potensi bobot badan jantan dan betina yang baik (Siwa, 2020), tahan terhadap penyakit, dan sifat keindukan kambing Lakor yang bagus serta musim kawin kambing Lakor sepanjang tahun (Talakua et al., 2022). Menurut Lelloltery et al. (2021) kambing Lakor jantan dan betina memiliki karakteristik warna rambut yang sangat dominan yaitu berwarna polos dan belang putih kehitaman, kepala didominasi hitam dan belang putih dengan warna sekitar mata umumnya hitam, serta warna telinga mengikuti warna tubuh dominan. Kambing Lakor memiliki tanduk dengan ukuran kecil sampai sedang dengan arah pertumbuhan tanduk ke atas dan ke belakang. Garis muka kambing Lakor yakni cenderung cembung (melengkung), garis punggung agak cekung, dan bagian pangkal ekor berukuran sedang (4-9 cm). Hasil penelitian Siwa (2020) menunjukkan bahwa pertumbuhan kambing Lakor termasuk lambat jika dibandingkan dengan kambing lokal lain. Dari sifat kuantitatif, kambing Lakor jantan memiliki bobot badan 59-81 kg dan pada betina yakni 34-47 kg. Fenotip kambing Lakor disajikan pada Gambar 3.



Gambar 3. Kambing Lakor
Sumber: Bugiwati (2024)

Selain kambing Lakor, rumpun kambing lokal Indonesia Timur lainnya adalah kambing Kacang yang tersebar hampir di seluruh wilayah Indonesia khususnya Sulawesi Selatan. Kambing Kacang merupakan kambing lokal Indonesia yang memiliki nilai ekonomi dan disukai oleh masyarakat petani. Kambing Kacang sifatnya lincah, tahan terhadap berbagai manajemen pemeliharaan, dan mampu beradaptasi dengan baik pada kondisi lingkungan yang beragam, dan diduga juga lebih resisten terhadap infeksi parasit saluran pencernaan (Batubara, 2006). Kambing Kacang bersifat prolifik atau sering melahirkan anak kembar, dengan persentase kelahiran anak tunggal 44,9%, kembar dua 52,2%, dan kembar tiga 2,6% (Sarwono, 2002). Kambing Kacang berasal dari Asia Barat yang dibawa oleh pedagang ke Indonesia dan dikembangkan secara turun-temurun dengan penyebaran hampir di seluruh wilayah Indonesia termasuk Indonesia Timur (Pemerintah Republik Indonesia, 2012). Salah satu wilayah tempat hidupnya kambing Kacang yang masih jarang diteliti adalah Kabupaten Kepulauan Selayar, Sulawesi Selatan. Lokasi ini sangat cocok untuk diteliti karena terisolir sehingga kemurnian genetik kambingnya cukup terjaga. Lokasi Kepulauan Selayar disajikan pada Gambar 4.



Gambar 4. Lokasi Kepulauan Selayar
Sumber: Wikipedia (2024)

Karakteristik kualitatif dari kambing Kacang yaitu memiliki postur tubuh kecil dan pendek, kepala kecil dengan profil hidung lurus, tanduk melengkung ke atas dengan panjang 8-10 cm, telinga sedang dan tegak, leher pendek, dan ekor kecil sekaligus tegang. Bobot badan kambing Kacang jantan dewasa adalah $24,67 \pm 6,09$ kg dan kambing Kacang betina dewasa $21,61 \pm 5,86$ kg, panjang badan kambing Kacang jantan dewasa adalah $58,00 \pm 3,0$ cm dan kambing Kacang betina dewasa $58,87 \pm 5,58$ cm, dan lingkaran dada kambing Kacang jantan dewasa adalah $66,67 \pm 5,16$ cm dan kambing Kacang betina dewasa $63,15 \pm 7,03$ cm (Batubara, 2012). Fenotip kambing Kacang disajikan pada Gambar 5.



Gambar 5. Kambing Kacang Selayar
Sumber: Dokumentasi Pribadi

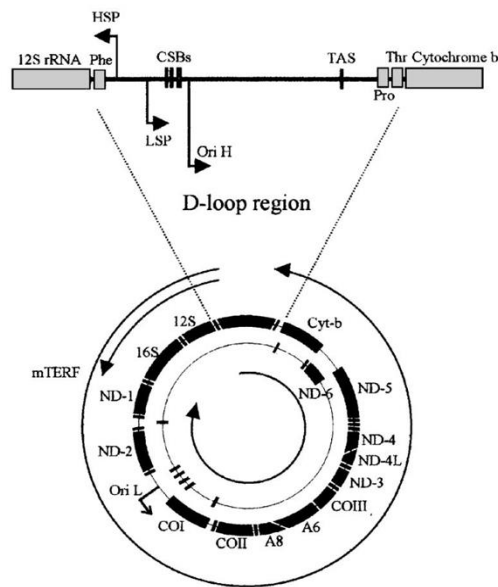
2.3. Mitokondria DNA D-Loop

Genom mitokondria (mtDNA) adalah molekul DNA yang terdapat di mitokondria dan memiliki bentuk sirkuler yang memiliki 13 gen penyandi protein, 2 gen rRNA, 22 gen tRNA, dan 1 gen yang tidak mengkode protein. Gen mtDNA memiliki laju mutasi yang tinggi dan hanya diturunkan oleh induk betina (maternal) kepada anak serta tidak mengalami rekombinasi. Gen mtDNA hanya diturunkan

secara maternal disebabkan karena mitokondria terdapat pada ekor sperma dan saat fertilisasi ekor sperma akan terputus sehingga mitokondria jantan tidak akan diturunkan kepada anak. Selain karena terputusnya ekor, penyebab lainnya mtDNA hanya diturunkan secara maternal adalah karena mutasi yang terjadi pada sperma (Kumar and Antonarakis, 2016). Penggunaan mtDNA telah banyak dilakukan sebagai penanda molekul untuk studi genetika populasi, penelusuran asal usul, dan berbagai hal lainnya (Wandia, 2001).

Salah satu genom dari mtDNA adalah *Displacement Loop* (D-Loop). Daerah D-loop DNA mitokondria adalah *control region*, yaitu satu-satunya daerah yang tidak mengkode protein. Dinamakan D-loop karena pada fragmen tersebut terdapat fragmen DNA dengan struktur 3-rantai (membentuk hairpin), terbentuk akibat terciptanya rantai berat (H-strand) yang menggantikan rantai induk dan membentuk struktur tripleks D-loop (3-strand). Daerah yang membentuk hairpin/D-loop berdekatan dengan gen tRNA_{phe} dan terdapat promotor (*Heavy Strand Promotor/HSP* dan *Light Strand Promotor/LSP*) yang berfungsi sebagai transkripsi genom mitokondria, juga terdapat daerah OH (*Origin of Replication*) untuk rantai berat yang berfungsi awal replikasi (Wilkins et al., 2018).

Region D-loop mempunyai posisi nukleotida dari 15.431 – 16.643 terdiri dari 1212 *base pairs* (pasang basa) (Pakpahan dkk., 2015) yang terdapat tiga area *hypervariable* atau memiliki laju yakni *hypervariable I* atau HV1, *hypervariable II* atau HV2, dan *hypervariable III* atau HV3. Daerah *hypervariable* merupakan area utama terjadinya variasi mtDNA (Saha et al., 2021). Daerah *hypervariable* yang paling sering digunakan adalah HV1 481 bp pada posisi 15.737 – 16.189 di *region* mtDNA *C. hircus* (De et al., 2023). Letak D-loop disajikan pada Gambar 6.



Gambar 6. Daerah D-Loop
 Sumber: Selwood et al. (2000)

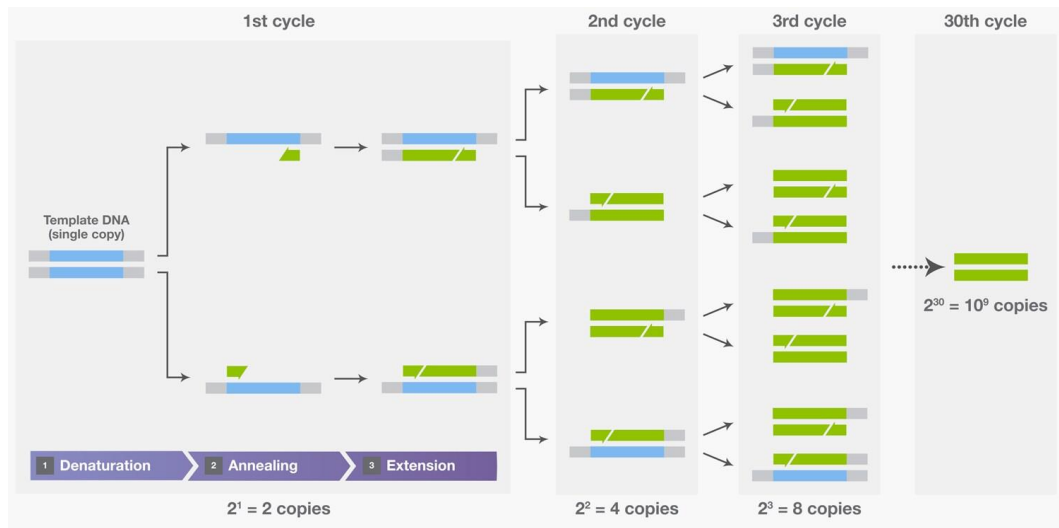
Keunikan dari D-loop adalah mempunyai polimorfisme atau variasi genetik tertinggi pada mtDNA. Region D-loop memiliki keragaman yang tinggi dan tingkat evolusi lima kali lebih cepat daripada region lain yang terdapat di mtDNA (Pakpahan et al., 2015). Beberapa penelitian sebelumnya telah banyak menggunakan mtDNA D-loop untuk memahami evolusi dan mengkarakterisasi garis keturunan dari kambing modern termasuk perbedaan genetik, *haplotype*, jarak genetik, dan pohon filogeni (Liu et al., 2013). Selain itu, D-loop juga dapat memberikan informasi genomik untuk mempelajari tentang perbedaan dan hubungan dari suatu spesies dengan spesies lain.

2.4. Polymerase Chain Reaction (PCR)

Polymerase Chain Reaction (PCR) merupakan teknik laboratorium yang digunakan untuk mengamplifikasi fragmen DNA dalam reaksi enzim sederhana. PCR dikembangkan pada tahun 1980-an oleh Dr. Kary Mullis dan merupakan salah satu penemuan revolusioner abad ke-20 dalam bidang biologi molekuler khususnya

pada berbagai bidang genetik. Prinsip kerja PCR adalah dengan mereplikasi DNA melalui proses pendinginan dan pemanasan secara berulang dari bahan reaksi yang terdiri dari DNA template, DNA polymerase, primer, dan nukleotida (Jalali et al., 2017). Terdapat tiga tahapan PCR yakni denaturasi, annealing, dan extension.

Tahap pertama PCR adalah denaturasi, denaturasi merupakan pemisahan *strand* DNA dari untai ganda (*double helix*) menjadi DNA untai Tunggal (*single-stranded*) dengan menggunakan panas bersuhu lebih dari 90 °C. Tahap kedua PCR adalah *annealing*, pada tahap ini menggunakan suhu 45-65 °C sehingga terjadi penempelan primer DNA *forward* dan *reverse* sehingga berikatan pada daerah komplementer pada sekuen *single-stranded* DNA. Tahap ketiga adalah extension, campuran reaksi kemudian dipanaskan hingga 72 °C sehingga Taq polymerase melakukan pemanjangan membentuk strand DNA baru. Setelah melalui satu siklus, reaksi kemudian berulang dan kembali ke siklus denaturasi dan terus berulang beberapa kali untuk melipatgandakan jumlah produk DNA. Contohnya, apabila terdapat 6 siklus maka terdapat 2⁶ salinan. Proses pengulangan ini berlangsung terus menerus dengan total 25-40 siklus PCR (Jalali et al., 2017). Ilustrasi siklus PCR disajikan pada Gambar 7.



Gambar 7. Siklus PCR
 Sumber: ThermoFisher (2024)

Setelah dilakukan PCR, hasil dari produk PCR dapat dilihat dianalisis dengan elektroforesis. Elektroforesis merupakan sebuah proses untuk memisahkan DNA, RNA, ataupun protein berdasarkan ukuran molekulnya (panjang pasang basa). Proses elektroforesis dilakukan menggunakan tegangan listrik yang diberikan pada gel sehingga dapat menghantarkan molekul melalui gel berdasarkan ukurannya. Semakin kecil ukuran molekulnya maka akan bergerak semakin jauh, apabila semakin berat ukurannya maka akan bergerak dengan jarak yang semakin pendek. Berdasarkan hal tersebutlah sehingga dapat diketahui ukuran dari DNA (Perrett, 2000).