

## INTISARI

### **ANALISIS FILOGENETIK KAMBING BLIGON ASAL KABUPATEN KULON PROGO BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI *DISPLACEMENT LOOP (D-LOOP)* DNA MITOKONDRIA (mtDNA)**

**Jasmine Qatrunnada**  
**21/480447/KH/10960**

Indonesia memiliki sumber daya genetik kambing lokal dengan keanekaragaman dan persebaran yang tinggi. Kambing Bligon merupakan kambing lokal Indonesia hasil persilangan kambing Peranakan Etawa dengan kambing Kacang. Pemahaman akan garis keturunan kambing dapat ditelusuri dengan studi filogenetik dengan menganalisa DNA mitokondria. *Displacement Loop (D-loop)* merupakan daerah kontrol non-koding pada mtDNA dengan tingkat mutasi basa nukleotida yang relatif tinggi sehingga cocok digunakan dalam variabilitas genetik serta hubungan filogenetik antar populasi karena dapat mengungkap mutasi yang muncul dalam proses evolusi. Tujuan dari penelitian ini yaitu untuk menganalisis filogenetik kambing Bligon serta mengkaji haplogrup kambing Bligon berdasarkan sekuen gen *D-loop* DNA mitokondria. Lima belas sampel darah kambing Bligon diisolasi dan amplifikasi dengan dengan primer AHDL-F (5'-CGCCAACACCACACAATATT-3') dan AHDL-R (5'-ATAGCTGAGTCCAAGCATCC-3'). Sekuensing dilakukan terhadap sembilan produk PCR kemudian data dianalisis dengan dengan perangkat lunak MEGA 11. Hasil penjajaran sepanjang 673bp menunjukkan delapan situs polimorfik pada situs 234, 254, 257, 317, 318, 381, 384, dan 406 berupa mutasi substitusi. Matriks jarak genetik antara kambing Bligon dengan kambing Samosir sebesar 0,006 menunjukkan kekerabatan yang dekat. Kambing Bligon berada pada cabang yang sama pada pohon filogenetik dengan kambing domestik asal Asia. Kambing Bligon berada pada haplogrup B bersama dengan kambing lokal Indonesia lainnya.

**Kata kunci:** *Displacement Loop (D-loop)*, DNA mitokondria, filogenetik, kambing Bligon, mutasi

## ABSTRACT

### **PHYLOGENETIC ANALYSIS OF BLIGON GOATS FROM KULON PROGO REGENCY BASED ON MITOCHONDRIAL DNA (MTDNA) *DISPLACEMENT LOOP (D-LOOP)* GENE SEQUENCES**

**Jasmine Qatrunnada**  
**21/480447/KH/10960**

Indonesia possesses a rich genetic resource of local goat breeds characterized by high diversity and widespread distribution. The Bligon goat is a local Indonesian breed resulting from a cross between the Peranakan Etawa and Kacang goats. Lineage tracing in goats can be conducted through phylogenetic studies by analyzing mitochondrial DNA (mtDNA). The Displacement Loop (*D-loop*) is a non-coding control region of mtDNA with a relatively high nucleotide mutation rate, making it suitable for examining genetic variability and phylogenetic relationships among populations, as it reveals mutations that arise during evolutionary processes. This study aims to analyze the phylogenetics of the Bligon goat and to investigate its haplogroup based on mitochondrial DNA *D-loop* gene sequence. Blood samples from 15 Bligon goats were isolated and amplified using the primers AHDL-F (5'-CGCCAACACCACACAATATT-3') and AHDL-R (5'-ATAGCTGAGTCCAAGCATCC-3'). Sequencing was performed on the PCR products, and the data were analyzed using the MEGA 11 software. Sequence alignment over 673 bp revealed eight polymorphic sites at positions 234, 254, 257, 317, 318, 381, 384, and 406, consisting of substitution mutations. The genetic distance matrix showed a value of 0.006 between the Bligon and Samosir goats, indicating a close genetic relationship. The Bligon goat clustered in the same branch as other Asian domestic goats in the phylogenetic tree and was classified into haplogroup B, alongside other local Indonesian goats.

Keyword: Displacement Loop (*D-loop*), mitochondrial DNA, phylogenetics, Bligon goat, mutation