

## INTISARI

Indonesia memiliki keragaman bangsa kambing yang cukup tinggi, meliputi kambing tipe pedaging, sebaguna dan perah. Namun demikian, beberapa ras kambing dilaporkan berada pada risiko kepunahan, sementara tingkat resiko kepunahan bangsa lainnya belum diketahui, dan pada saat yang sama informasi mengenai keragaman genetik kambing Indonesia masih terbatas. Penelitian ini dilakukan untuk mengeksplorasi keragaman genetik dan hubungan filogenetik dari tujuh bangsa kambing perah yang ditemukan di Yogyakarta dan Jawa Tengah, yaitu Saanen, British Alpine, Bligon, Anglo Nubian, Toggenburg, Nigerian dwarf, dan persilangan antara Anglo Nubian dengan Peranakan Ettawa (PE). Sebanyak 31 sampel darah kambing digunakan dalam penelitian ini, dan DNA genom diekstraksi untuk selanjutnya dilakukan amplifikasi dan sekuensing fragmen sepanjang 430 pasangan basa gen sitokrom b mitokondria (cytochrome b). Urutan yang diperoleh disejajarkan dengan urutan referensi dari GenBank, kemudian dianalisis untuk mengetahui keragaman genetik dan hubungan filogenetik antar bangsa. Hasil analisis filogenetik menunjukkan terbentuknya dua klade utama, di mana kambing Nigerian Dwarf berada dalam klade terpisah dari bangsa kambing perah lainnya. Analisis keragaman genetik mengungkapkan adanya tiga situs hipervariabel, lima situs polimorfik, lima mutasi, dan delapan haplotipe pada seluruh sampel, yang mengindikasikan tingkat perbedaan genetik yang rendah hingga sedang antar bangsa. Nilai keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida secara keseluruhan masing-masing sebesar  $0,716 \pm 0,058$  dan  $0,00251 \pm 0,00035$ , sementara jarak genetik di antara bangsa berkisar antara 0,0 hingga 0,0038. Hasil Analisis Varians Molekuler (AMOVA) menunjukkan bahwa 82,17% variasi genetik ditemukan di dalam bangsa, sementara 17,83% variasi genetik ditemukan di antara bangsa. Rendahnya keragaman genetik yang terungkap di antara tujuh bangsa kambing perah dalam studi ini menunjukkan dasar genetik yang sempit dan homogenitas genetik yang tinggi, yang dapat mengurangi kemampuan beradaptasi dan meningkatkan risiko kepunahan. Karena penelitian ini mengungkapkan keragaman genetik secara keseluruhan yang rendah hingga moderat, hal ini menyoroti kebutuhan mendesak akan program pemuliaan terstruktur dan peningkatan kesadaran petani untuk melestarikan sumber daya genetik sambil mempertahankan keragaman haplotip dan keragaman nukleotida yang tinggi pada bangsa kambing perah di daerah penelitian untuk memastikan kemampuan adaptasi dan keberlanjutan bangsa tersebut.

*(Kata kunci: Kambing perah, Sitokrom b, Keanekaragaman genetik, Analisis filogenetik, Haplotipe)*

## ABSTRACT

Indonesia is characterized by substantial goat breed diversity, with populations adapted for meat, dual-purpose, and dairy productions. Studies show that some breeds of goat are at risk of extinction, while the level of risk of extinction for others is not yet known and at the same time there is a limited information based on the genetic diversity of Indonesian goats. This study was conducted to explore the genetic diversity and phylogenetic relationship of seven dairy goat breeds found in Yogyakarta and Central Java, which included Saanen, British Alpine, Bligon, Anglo Nubian, Toggenburg, Nigerian dwarf, and the Crossbreed of Anglo Nubian with Peranakan Ettawa (PE). DNA was extracted from blood samples taken from 31 goats. A 430 bp segment of the mitochondrial cytochrome b (cyt b) gene was amplified and sequenced, followed by aligning with reference sequences obtained from GenBank and then phylogenetic and genetic diversity analyses. Phylogenetic tree constructed showed two main clades where Nigerian dwarf goat was in separate clade from other dairy breeds. The study found 3 hypervariable sites, 5 polymorphic sites, 5 number of mutations and 8 number of haplotypes across all sample suggesting low to moderate genetic differentiation among the breeds. The overall haplotype diversity and nucleotide diversity were  $0.716 \pm 0.058$  and  $0.00251 \pm 0.00035$ , respectively while genetic distances among breeds ranged from 0.0 to 0.0038. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) results showed 82.17% of genetic variation was found within breeds, while 17.83% of the genetic variation was found among breeds. The revealed low to moderate genetic diversity among seven dairy goats breeds in this study indicates a narrow genetic base and high genetic homogeneity which may reduce adaptability and increase extinction risk. Since the study reveal low to moderate overall genetic diversity, it highlights the urgent need for structured breeding programs and increased farmers awareness to conserve genetic resources while maintaining high haplotype diversity and nucleotide diversity in the dairy goat breeds in study area to ensure breed adaptability and sustainability.

*(Keywords: Dairy goats, Cytochrome b, Genetic diversity, Phylogenetic analysis, Haplotypes)*