

**DIVERSITAS GENETIK DAN KARAKTERISTIK MOLEKULER  
KAMBING LOKAL INDONESIA BERDASARKAN  
ANALISIS PROFIL DNA MITOKONDRIA DAN  
SHORT TANDEM REPEAT (STR)**

**Suhendra Pakpahan**

**ABSTRAK**

Indonesia merupakan negara “*Mega Biodiversity*” yaitu negara dengan keanekaragaman hayati yang sangat tinggi. Kambing merupakan salah satu plasma nutfah Indonesia yang perlu dikembangkan dan dilestarikan. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik dan hubungan kekerabatan kambing lokal di Indonesia berdasarkan analisis DNA mitokondria dan mikrosatelit, mencari marker spesifik untuk kambing lokal Indonesia, mengetahui hubungan kekerabatan antara kambing Hutan Sumatera dan kambing domestikasi Indonesia, mencari hubungan antara variasi genetik gen ASIP dengan warna penutup tubuh kambing. Pengambilan sampel kambing dilakukan secara acak, dilanjutkan dengan ekstraksi DNA, amplifikasi gen target dengan teknik PCR, dan sekuensing. Berdasarkan sekuen komplit *D-loop* mtDNA pada delapan *breed* (26 individu) kambing lokal Indonesia memiliki 68 situs polimorfik dan 21 haplotipe yang berbeda. Keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida berdasarkan *D-loop* mtDNA dalam delapan *breed* kambing Indonesia adalah 0,500-1,000 dan 0,248%-1,1595%. Jarak genetik antar kelompok kambing lokal Indonesia berkisar antara 0 – 0,011. Nilai jarak genetik antar subpopulasi kambing lokal Indonesia berdasarkan *Cyt b* mtDNA adalah berkisar antara 0–0,007 dan terdiri dari 19 situs polimorfik serta 8 haplotipe. Jarak genetik antara kambing Hutan Sumatera dan kambing domestikasi Indonesia adalah 0,001-0,118. Dengan menggunakan metode PCR-RFLP, pada gen *Cyt b* kambing Hutan Sumatera terdapat pemotongan pada situs 561 bp sehingga menghasilkan dua pita DNA sedangkan pada kambing lokal Indonesia tidak terdapat pemotongan fragmen DNA pada situs tersebut. Pada pohon filogenetik, kambing Hutan Sumatera membentuk kelompok dengan genus *Capricornis*. Pada fragmen gen ASIP 610 bp, tidak ditemukan variasi yang dapat membedakan warna penutup tubuh kambing lokal Indonesia. Semua penanda genetik mikrosatelit menunjukkan polimorfisme pada setiap populasi kambing di Indonesia. Nilai *polymorphic information conten* (PIC) berkisar dari 0,239 (ETH10) sampai 0,726 (INRA23) dengan nilai rata-rata  $0,54 \pm 0,022$ . Nilai  $H_o$  rata-rata berkisar antara  $0,321 \pm 0,058$  (Gembrong) sampai  $0,629 \pm 0,047$  (Peranakan Etawah), sedangkan nilai rata-rata  $H_e$  berkisar antara  $0,323 \pm 0,055$  (Gembrong) sampai  $0,667 \pm 0,035$  (Peranakan Etawah). Laju *inbreeding* antara populasi ( $F_{is}$ ) adalah 0,050 (5%) dan dalam populasi ( $F_{it}$ ) adalah 0,151 (15,1%). Berdasarkan hasil yang diperoleh dapat disimpulkan bahwa *D-loop* dan *Cyt b* mtDNA tidak dapat membedakan antar setiap subpopulasi kambing lokal Indonesia, semua kambing lokal Indonesia termasuk haplogroup B (*lineage B*), Kambing Hutan Sumatera termasuk ke dalam genus *Capricornis*. Keragaman genetik kambing lokal Indonesia masih relatif tinggi kecuali kambing Gembrong.

**Kata kunci:** Kambing, DNA-mitokondria, filogenetik, mikrosatelit, jarak genetik

**DIVERSITAS GENETIK DAN KARAKTERISTIK MOLEKULER  
KAMBING LOKAL INDONESIA BERDASARKAN  
ANALISIS PROFIL DNA MITOKONDRIA DAN  
SHORT TANDEM REPEAT (STR)**

**Suhendra Pakpahan**

**ABSTRACT**

Indonesia is a country with a very high biodiversity "Mega Biodiversity". Goat is one of Indonesian germplasm that needs to be developed and conserved. The aims of this study were to investigate genetic diversity and relationship of Indonesian goats based on analysis of mtDNA and microsatellites, searching for specific markers for local Indonesian goats, knowing the relationship between Hutan Sumatera goat and domestic goat, searching for relationship between genetic variation of ASIP gene with coat color of Indonesian goats. Goat samples were collected randomly, followed by extracting DNA, amplification of target gene by PCR technique, and sequencing. Based on the complete sequence of mtDNA D-loop on eight breeds (26 individuals) local Indonesian goats have 68 polymorphic sites and 21 different haplotypes. The diversity of haplotypes and nucleotide based on D-loop mtDNA in eight Indonesian goat breeds was 0,500-1,000 and 0.248% - 1.1595%. The genetic distance among Indonesian goats ranged from 0- 0.011. The genetic distance values between subpopulations of local Indonesian goats based on Cyt b mtDNA ranged from 0-0.007 and consisted of 19 polymorphic sites as well as 8 haplotypes. The genetic distance between Hutan Sumatera goat and Indonesian domestic goat is 0.001-0.118. Using the PCR-RFLP method, in the Cyt b of Hutan Sumatera, there is a cutting at the 561 bp site resulting in two DNA bands whereas in Indonesian domestic goats, there is no cutting on the site. In phylogenetic trees, Sumatra Forest goats form groups with the genus *Capricornis*. In the 610 bp of ASIP fragment, no variation was found that could distinguish The coat color of the local Indonesian goats. All microsatellite markers indicate polymorphism in every Indonesian goat populations. The value of polymorphic information contents (PIC) ranged from 0.239 (ETH10) to 0.726 (INRA23) with an average value of  $0.54 \pm 0.022$ . The average  $H_o$  score ranges from  $0.321 \pm 0.058$  (Gembrong) to  $0.629 \pm 0.047$  (Peranakan Etawah), whereas the average value of  $H_e$  ranges from  $0.323 \pm 0.055$  (Gembrong) to  $0.667 \pm 0.035$  (Peranakan Etawah). The rate of inbreeding between the population ( $F_{is}$ ) was 0.050 (5%) and in the population ( $F_{it}$ ) was 0.151 (15.1%). Based on the results obtained it could be concluded that the D-loop and Cyt b mtDNA can not distinguish between each subpopulation of local Indonesian goats, all Indonesian goats are haplogroup B (lineage B), Hutan Sumatera goat included into the genus *Capricornis*. The genetic diversity of local Indonesian goats is still relatively high except for Gembrong goats.

**Key words:** Goats, mtDNA, Phylogenetic, microsatellite, genetis distance