

Kajian keragaman genetik sapi lokal campuran untuk penguatan peternakan sapi potong di Sulawesi Utara

U. Paputungan*, W. Utiah, S. Turangan, E. Pudjihastuti

Fakultas Peternakan, Universitas Sam Ratulangi, Manado 95115, Indonesia

*Korespondensi (*Corresponding author*) email: umarpaputungan@unsrat.ac.id

ABSTRAK

Faktor genetik pada pewarisan bobot hidup ternak adalah nilai pemuliaan, deviasi dominansi dan heritabilitas. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi komponen genotipe nilai pemuliaan dan deviasi dominansi bobot hidup serta heritabilitasnya pada sapi Peranakan Ongole dan Lokal. Total 74 induk sapi generasi awal (G_0), dan 104 induk generasi 1 (G_1) dari pejantan sapi Ongole dianalisis kontribusi genetik. Locus gen sapi Ongole (gen O) dan gen sapi Lokal (gen L) hasil pengukuran bobot hidup ternak genotipe OO, LL dan LO dianalisis melalui komponen nilai pemuliaan dan deviasi dominan gen. Program statistik Excel XP digunakan menganalisis data. Hasil penelitian menunjukkan bahwa rata-rata populasi tetua (μ) bobot hidup ternak (G_0) adalah $340,01 \pm 6,12$ kg. Sedangkan rata-rata populasi (μ_1) bobot hidup ternak generasi keturunan (G_1) adalah $359,60 \pm 5,67$ kg, dengan respon seleksi ($\Delta\mu$) sebesar 19,59 kg. Komponen genotipe homozigot OO dan LL sangat didominasi oleh aksi gen aditif dengan nilai pemuliaan lebih tinggi untuk bobot hidup daripada aksi gen deviasi dominan. Genotipe heterozigot LO didominasi pula oleh aksi gen deviasi dominan yang lebih rendah daripada aksi gen aditif. Heritabilitas (h^2) bobot hidup sapi sebagai aksi gen aditif adalah 0,66 dengan kategori tinggi, sedangkan aksi gen dominan (h_D^2) adalah sebesar 0,33 yang dikategorikan heritabilitas sedang.

Kata Kunci: Nilai pemuliaan, aksi gen dominan, bobot hidup, sapi Campuran Lokal-Ongole.

ABSTRACT

STUDY OF THE GENETIC DIVERSITY IN LOCAL CROSSBRED CATTLE SUPPORTING BEEF CATTLE DEVELOPMENT IN NORTH SULAWESI.

Genetic inheritance of cattle live weight were breeding value, dominance deviation and heritability. This study aims to identify these genotypic components in Ongole and Local cattle live weight. A total of 74 initial generation (G_0) of cows and 104 cow generation 1 (G_1) from Ongole and Local bulls were analyzed for genetic contributions. The Ongole cow gene (gene O) and Local cow gene (gene L) from live weight in cattle genotypes (OO, LO, LL) were analyzed by the statistical Excel XP program. The average population of parental (μ) live weight (G_0) was 340.01 ± 6.12 kg. Meanwhile, the average population live weight (μ_1) in cattle generation (G_1) was 359.60 ± 5.67 kg, with a selection response ($\Delta\mu$) of 19.59 kg. The homozygous genotype components of OO and LL were strongly dominated by the additive gene action with higher breeding values for live weight than the dominance deviation gene action. The heterozygous genotype of LO was also dominated by dominance deviation gene action which was lower than the additive gene action. The heritability (h^2) of cattle live weight as the additive gene action was 0.66 with high category, while the heritability by dominance gene action (h_D^2) was 0.33, categorized as moderate heritability.

Key word: Breeding value, dominance gene action, live weight, Ongole-Local Grade cattle.

PENDAHULUAN

Dalam lokus tunggal, perbedaan phenotype ternak merupakan fungsi nilai genetik. Tetua ternak tidak mewariskan sifat genetik terhadap generasi turunan tetapi mewariskan hanya sampel acak dari satu gen pada setiap lokus pada generasi turunan (Thundathil *et al.*, 2016, Chawala *et al.*, 2017). Nilai pemuliaan sebagai deskripsi individu menunjukkan nilai suatu ternak dalam program pemuliaan. Untuk contoh lokus tunggal, nilai pemuliaan setiap genotype dihitung dua kali lipat perbedaan rata-rata keturunan yang diharapkan dari rata-rata populasi karena generasi turunan hanya memiliki setengah sampel dari gen tetua. Deviasi keturunan sendiri mencerminkan kemampuan mewariskan dari tetua yang hanya setengah dari nilai pemuliaan. Nilai pemuliaan adalah tergantung terhadap frekuensi gen sehingga boleh bervariasi dari populasi satu ke populasi lain (Van Vleck *et al.*, 1987; Bycroft *et al.*, 2018).

Petani pemulia dapat merunut ternak dan menyingkirkan ternak-ternak hasil evaluasi terjelek, sedangkan seleksi dengan evaluasi terbaik dijadikan bibit pengganti. Evaluasi yang tepat memerlukan aplikasi tepat dari nilai heritabilitas dan hubungan terhadap catatan bobot ternak dan sifat saudara lainnya (Van Vleck *et al.*, 1987; Cano *et al.*, 2016). Dalam industri peternakan, sifat pertumbuhan ternak sapi selalu menjadi perhatian utama dalam program sebagai nilai penentu ekonomis. Para ilmuwan, melalui teknologi biomolekuler mampu mencapai tujuan seleksi yang lebih akurat dan efisien melalui seleksi berbantu penanda (*marker-assisted selection, MAS*), (Evans *et al.*, 2018).

Hormon pertumbuhan (*Growth hormone, GH*) merupakan hormone anabolic yang disintesis dan disekresi oleh sel-sel somatotroph dari *anterior lobe* pada

pituitary dalam *circadian* dan *pulsatile manner*, suatu pola yang berperan penting sesudah kelahiran ternak pada pertumbuhan sesudah kelahiran untuk semua jaringan tubuh ternak (Ayuk and Sheppard, 2006; Maharani *et al.*, 2017; Tutkun, 2019). Gen GH, dengan potensi posisi dan fungsinya telah luas digunakan sebagai penanda (marker) dalam beberapa spesies ternak termasuk sapi *Bos taurus* and *Bos indicus* (Maki-Tanila and Hill, 2014). Telah dilaporkan bahwa “*the restriction fragment length polymorphisms (RFLP)*” GH berkaitan dengan bobot badan pada ternak sapi perah Grati (Maylinda, 2011; Yi-Fan *et al.*, 2018).

Kajian gen GH lokus *MspI* telah dilaporkan pada sapi persilangan Ongole, sapi Brahman, sapi Indian Zebu (Shodi *et al.*, 2007) dan sapi-sapi Pantai Barat Sumatera (Jakaria *et al.*, 2007). Nilai pemuliaan tergantung pada frekuensi genotype. Karena tetua mewariskan gen pada setiap anak keturunan dengan satu atau lebih gen-gennya, maka nilai pemuliaan menggambarkan jumlah nilai setiap alel didalam genotype anak. Perbedaan antara nilai genotype dan nilai pemuliaan dapat digambarkan sebagai deviasi dominan atau *the dominance deviation* (Van Vleck *et al.*, 1987; Ratnasari *et al.*, 2019). Nilai genotype didefinisikan sebagai deviasi genotype dari rata-rata dua phenotype homosigous (Pazokitoroudi *et al.*, 2020).

Nilai pemuliaan suatu individu menunjukkan keunggulan genetic aditif. Perbedaan antara nilai pemuliaan adalah aditif dan menggambarkan istilah heritabilitas untuk sifat ekonomis ternak tertentu seperti bobot hidup ternak. Nilai genetik, istilah heritabilitas (h^2) didefinisikan sebagai rasio varian aditif terhadap varian phenotype. Dengan demikian, h^2 adalah proporsi total varian yang disebabkan perbedaan antara nilai-nilai pemuliaan individu-individu didalam

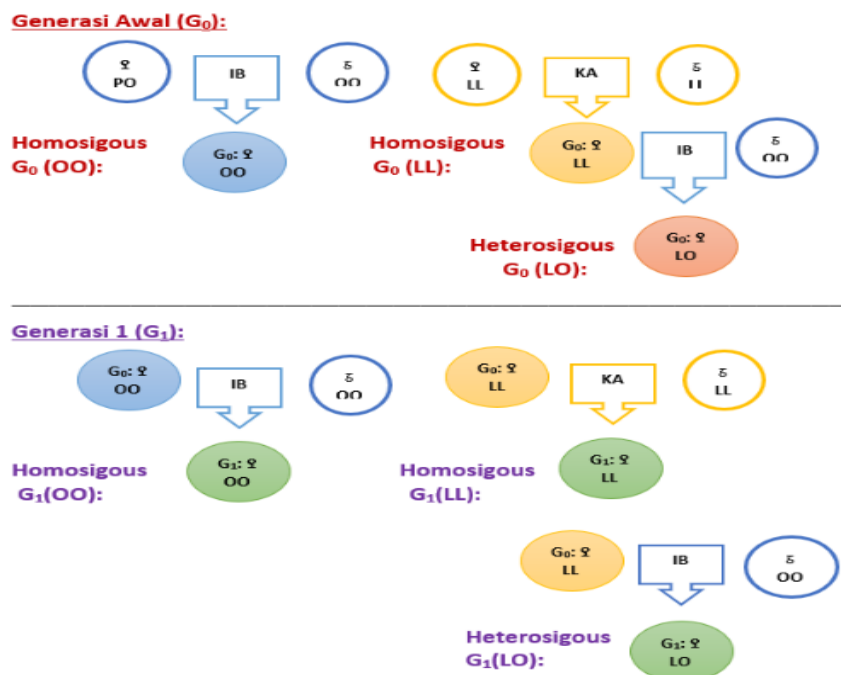
populasi (Van Vleck *et al.*, 1987; Selvaggi *et al.*, 2017). Tujuan penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi nilai genotype, nilai pemuliaan dan deviasi dominan sifat bobot hidup dan frekuensi genotype hormone pertumbuhan (GH) oleh restriksi enzim Msp1 dan menetapkan heritabilitas bobot hidup sapi Peranakan Ongole hasil inseminasi buatan di Sulawesi Utara.

MATERI DAN METODE PENELITIAN

Pengambilan sampel ternak

Sampel dalam kajian ini diambil dari ternak sapi PO di Sulawesi Utara dengan total 74 ternak induk umur 5 sampai 7 tahun generasi awal (G_0) terdiri dari 10 induk Bangsa Ongole (genotipe OO) hasil IB, 28 induk Lokal Campuran (genotipe LO) hasil IB dan 36 induk sapi Lokal kawin

alam (genotipe LL). Selain itu, total 104 anak-anak betina dari sapi-sapi induk tersebut (umur 4 sampai 5 tahun) generasi 1 (G_1) hasil IB (31 ekor genotipe OO dan 38 ekor genotipe LO) dan 35 ekor genotipe LL hasil kawin alam digunakan dalam sampel penelitian ini. Semua induk (G_0) dan anak (G_1) dipelihara secara pribadi oleh petani pemilik wilayah areal tanah milik mereka. Anak (G_1) dilahirkan oleh induk sapi PO (G_0) melalui perkawinan teknik IB dengan memakai semen yang berasal dari dua pejantan sapi Ongole (G_0) dari BBIB Singosari, provinsi Jawa Timur (Gambar 1). Bobot badan induk diperoleh melalui penimbangan timbangan “*digital monitor*” berkapasitas 2000 kg. Parameter bobot badan diukur dalam satuan unit kg ketika ternak berdiri tegak seperti digambarkan Papatungan *et al.* (2021).



Gambar 1. Sistem Perkawinan Mendapatkan Generasi Awal (G_0) dan Generasi 1 (G_1)

Tabel 1. Rataan Bobot Hidup dan Nilai Genotipe Pada Tiap Genotipe Induk Sapi Ongole, Lokal Campuran dan Sapi Lokal

Gene-rasi (G)	Genotipe induk	Jumlah induk (n)	Frekueansi Genotipe	Frekueansi Gen	Rataan bobot hidup (kg) induk	Nilai genotipe (V _{ij}) (kg)
G ₀	(OO)	10	p ²	p = 0.32	P ₁₁ = 346,45±36,6	a = 10,80
	(LO)	28	2pq		P ₁₂ = 354,62±37,3	d = 18,98
	(LL)	36	q ²	q = 0.68	P ₂₂ = 324.83±34,8	- a = - 10.81
G ₁	(OO)	31	p ₁ ²	p ₁ = 0.48	P _{1.11} = 362,62±32,4	a = 17.20
	(LO)	38	2p ₁ q ₁		P _{1.12} = 375,21±31,6	d = 29,79
	(LL)	35	q ₁ ²	q ₁ = 0.52	P _{1.22} = 328,21±32,3	- a = - 17,20

Keterangan: Sapi Ongole (OO), sapi Lokal Campuran (LO) dan Sapi Lokal (LL). Nilai-nilai V_{ij} dihitung dari ketiga formulasi persamaan di atas.

Nilai genotype untuk identifikasi alel kelompok sapi Ongole murni (OO) dan alel kelompok sapi campuran (LO) aerta Lokal lainnya (LL) dilakukan dengan memakai protocol seperti digambarkan dalam protocol analisis (Papatungan *et al.*, 2021). Rataan dua phenotype homosigous sapi Ongole murni (P₁₁) kawin Inseminasi buatan atau IB dengan pejantan phenotype homosigous (P₂₂), disimbolkan dengan *m*, dihitung mengikuti rumus (Van Vleck *et al.*, 1987), yakni: $m = \frac{1}{2} (P_{11} + P_{22})$. Nilai genotype, nilai pemuliaan dan deviasi dominan untuk tiap genotype ternak dihitung dengan persamaan (Van Vleck *et al.*, 1987), yakni: nilai genotype P₁₁ = P₁₁ (a) = P₁₁ - *m*; nilai genotype P₁₂ = P₁₂ (d) = P₁₂ - *m* dan nilai genotype P₂₂ = P₂₂ (- a) = P₂₂ - *m*. Karena *m* ditetapkan sebagai rataan phenotype untuk kedua genotype homosigous, maka nilai genotype setiap ternak P₁₁ (a), P₁₂ (d) dan P₂₂ (- a) dengan persamaan di atas dapat terlihat seperti pada Tabel 1. Nilai-nilai genotype ini bernilai dalam kontribusi terhadap semua parameter phenotype and genotype dalam populasi ternak.

Untuk populasi dalam keseimbangan "Hardy-Weinberg", nilai rataan populasi phenotype (μ) ditetapkan sesuai Van Vleck *et al.* (1987), yakni: $\mu = p^2P_{11} + 2pqP_{12} + q^2P_{22}$, sama dengan $m + [a$

$(p - q) + 2 p q d]$, (Tabel 2). Analisis respon seleksi dapat dihitung pula memakai persamaan, yakni: $\mu_1 = m + [a (p_1 - q_1) + 2 p_1 q_1 d]$. Response seleksi (Δμ) adalah perubahan dalam rataan populasi dari tetua ke generasi anak dan dihitung dengan persamaan, yakni: $\Delta\mu = \mu_1 - \mu$, (Tabel 2). Karena *m* konstan, maka perubahan rataan adalah hasil peningkatan rataan nilai genotype akibat peningkatan frekuensi alel *p*.

Analisis nilai pemuliaan (Breeding Value), rataan yang diharapkan dari generasi keturunan jantan homosigous (μ₁₁) adalah jumlah produk frekuensi genotype dan nilai phenotype yang terkait dihitung sesuai Van Vleck *et al.* (1987), seperti diuraikan dalam Tabel 2. Demikian pula Analisis deviasi dominan (Dominance Deviation), perbedaan antara nilai genotype (V_{ij}) dan nilai pemuliaan (BV_{ij}) untuk setiap genotype dapat direpresentasi menggunakan rumus Van Vleck *et al.* (1987), seperti diuraikan dalam Tabel 3, dimana $P_{ij} = m + [a(p - q) + 2 p q d] + BV_{ij} + D_{ij}$. Karena $m + [a (p - q) + 2 p q d]$ sama dengan μ, maka phenotype dapat ditulisdalam persamaan, yakni: $P_{ij} = \mu + BV_{ij} + D_{ij}$. Dengan demikian, $P_{11} = \mu + BV_{11} + D_{11}$; $P_{12} = \mu + BV_{12} + D_{12}$ and $P_{22} = \mu + BV_{22} + D_{22}$.

Tabel 2. Perbedaan Nilai Genotipe Melalui Pengukuran Induk Sapi, Rataan Population dan Komponen Genotipe Components Yang Diprediksi Melalui Persamaan (Van Vleck *et al.*, 1987)

Nilai Genotipe (P _{ij}) induk (kg)	Rataan populasi (μ) pakai persamaan (kg) bobot hidup induk	Nilai pemuliaan (BV _{ij}) pakai persamaan (kg) bobot hidup induk	Deviasi Dominan (D _{ij}) pakai persamaan (kg) bobot hidup induk
OO	$\mu = m + [a(p - q) + 2 p q d]$	$BV_{11} = 2q [a + d(q - p)]$	$D_{11} = - 2q^2 d$
LO	$\mu = m + [a(p - q) + 2 p q d]$	$BV_{12} = (q - p) [a + d(q - p)]$	$D_{12} = 2p q d$
LL	$\mu = m + [a(p - q) + 2 p q d]$	$BV_{22} = - 2p [a + d(q - p)]$	$D_{22} = - 2p^2 d$
P ₁₁ = 346,45	G ₀ p = 0,32 μ = 340,01	BV ₁₁ = 23,99	D ₁₁ = - 17,55
P ₁₂ = 354,62	q = 0,68 μ = 340,01	BV ₁₂ = 6,35	D ₁₂ = 8,26
P ₂₂ = 324,83	μ = 340,01	BV ₂₂ = - 11,29	D ₂₂ = - 3,89
P _{1.11} = 362,62	G ₁ p ₁ = 0,48 μ ₁ = 359,60	BV _{1.11} = 19,13	D _{1.11} = - 16,11
P _{1.12} = 375,21	q ₁ = 0,52 μ ₁ = 359,60	BV _{1.12} = 0,74	D _{1.12} = 14,87
P _{1.22} = 328,21	μ ₁ = 359,60	BV _{1.22} = - 17,66	D _{1.22} = - 13,73
	$\Delta\mu = \mu_1 - \mu = 19,59$		
	$\sigma_p^2 = 203,69$	$\sigma_A^2 = 135,46$	$\sigma_D^2 = 68,23$
		$h^2 = 0,66$	$h_D^2 = 0,33$

analisis nilai heritabilitas (Heritability), sebagai parameter populasi yang sangat penting digunakan untuk estimasi nilai pemuliaan pada karakteristik sifat kuantitatif dan untuk prediksi respon yang diharapkan dari berbagai seleksi. Varians phenotype (σ_p^2) dihitung memakai rumus Van Vleck *et al.* (1987), yakni: $\sigma_p^2 = 2pq [a + d (q - p)]^2 + (2pqd)^2$. Varians genetik aditif terhadap varians phenotype (Van Vleck *et al.*, 1987), yakni: $\sigma_A^2 = 2pq [a + d (q - p)]^2$. Varians genetic dominan (σ_D^2) untuk lokus tunggal dihitung (Van Vleck *et al.* 1987; Pazokitoroudi *et al.* 2021) yakni: $\sigma_D^2 = (2pqd)^2$.

Heritabilitas dalam pengertian sempit (h^2) ditetapkan sebagai rasio varians genetik aditif terhadap varians phenotype (Van Vleck *et al.* 1987; Pazokitoroudi *et al.* 2021), yakni: $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2}$, sedangkan heritabilitas efek genetic dominan (h_D^2) ditetapkan sebagai rasio varians genetik dominan terhadap varians phenotype (Zhu *et al.* 2018; Pazokitoroudi *et al.* 2021), yakni: $h_D^2 = \frac{\sigma_D^2}{\sigma_p^2}$.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Nilai genotipe bobot hidup ternak

Data nilai phenotype (P_{ij}) bobot hidup induk dipakai dalam menetapkan genotipe homisigous murni sapi Ongole (OO) dan sapi Lokal (LL), serta genotipe heterozygous (LO) (Table 1). Total 104 genotipe tetua induk (G₁) terlihat bahwa 35 induk terdeteksi memiliki genotipe homisigous Lokal (LL), 38 induk Campuran Lokal memiliki genotipe heterosigous (LO), and 31 induk sapi Ongole yang terdeteksi memiliki genotipe homisigous (OO) (Tabel 1).

Jumlah induk dan rata-rata phenotype bobot hidup populasi dalam kajian ini terlihat dalam Table 1. Bobot hidup dipengaruhi oleh genotipe pada the lokus gen pertumbuhan. Populasi ternak dianggap seimbang dengan adanya frekuensi gen dan ukuran phenotype seperti terlihat pada Tabel 2. Gen O merupakan representasi alel yang mempengaruhi bobot hidup ternak. Genotipe ternak berepresensi terhadap setiap performans phenotype performance diukur dalam unit kg dari

setiap bobot hidup. Nilai genotipe ditetapkan sebagai deviasi phenotype dari rata-rata kedua phenotype homisigous dari P_{11} dan P_{22} . Rataan kedua genotipe homisigous induk (m) adalah 335,64 kg.

Rataan populasi dan respon seleksi bobot hidup ternak

Dengan memakai total 74 sampel induk (G_0), frekuensi alel dari Ongole (O) atau (p) adalah $\frac{48}{148} = 0,32$. Karena $p = 0,32$, maka frekuensi alel sapi Lokal (L) atau (q) adalah 0,68. Dengan demikian, rata-rata populasi dari induk G_0 (μ) memakai persamaan (Tabel 2) adalah 340,01 kg. Nilai ini mengindikasikan bahwa rata-rata bobot hidup populasi induk G_0 dalam kajian ini 340,01 kg (Tabel 2). Namun, bobot hidup oleh 104 induk (G_1) dalam kajian ini memperlihatkan bahwa frekuensi alel O (p_1) dapat berubah menjadi $\frac{100}{208}$ or 0,48. Karena p_1 adalah 0,48, maka frekuensi alel L (q_1) adalah 0,52 (Tabel 2). Dengan demikian, rata-rata populasi induk (μ_1), memakai persamaan (Tabel 2), adalah 359,60 kg.

Respon seleksi ($\Delta\mu$) melalui perkawinan IB pejantan Ongole dengan analisis genotipe dapat diterapkan melalui sistem perkawinan untuk genotipe induk dengan hasil 19,59 kg per generasi akibat perubahan frekuensi gen O (p) dalam rata-rata populasi dari (G_0) menjadi frekuensi gen O (p_1) dalam rata-rata populasi generasi (G_1) seperti terlihat pada Table 2.

Untuk memperoleh respon seleksi ($\Delta\mu$) yang tinggi per generasi, system perkawinan ternak hendaknya diterapkan pilihan yang melibatkan semua genotipe induk dengan bobot hidup superior dari pejantan Ongole guna menyebarkan frekuensi gen O ($p = 0,50$) and gen L ($q = 0,50$) menuju pada keseimbangan equilibrium alam yang dikenal sebagai keseimbangan ekologis (the ecological balance) (The Hardy-Weinberg Principle). Jika semua ternak dengan genotypes Lokal (LL) dikeluarkan dalam populasi, maka frekuensi alel O (p_1) yang eksis dalam

populasi hendak menjadi $p_1 = 1/(1+q) = 2/3$. Dalam strategis ini, rasio genotypes ternak yang eksis dalam populasi hanya terdiri dari 1(OO) : 2(LO); sedangkan 1(LL) dikeluarkan dan tidak berkembangbiak dalam populasi. Dengan demikian, gen-gen survive yang eksis adalah 4 (O) dan 2(L), sehingga proporsi alel O (p_1) = $4/6 = 2/3$, dan proporsi alel L (q_1) = $2/6 = 1/3$. Dalam strategi yang sama, rasio genotipe ternak yang eksis dalam populasi hanya terdiri dari 1 (LL) : 2(LO); sedangkan 1(OO) dikeluarkan dan tidak berkembangbiak dalam populasi. Seleksi diferensial ditetapkan sebagai superioritas pada induk tetua terseleksi di atas rata-rata populasi yang hendak dicapai pada pengembangan genetik populasi ternak (Van Vleck *et al.* 1987; Thekkoot, 2017) seperti dilaporkan oleh Papatungan *et al.* (2021).

Nilai pemuliaan dan deviasi dominan bobot hidup ternak

Nilai pemuliaan merupakan fungsi frekuensi gen dan nilai-nilai genotipe ternak. Frekuensi gen dapat berbeda dari satu generasi ke generasi berikutnya. Bobot hidup induk (G_1) dalam kajian ini (Table 1) menunjukkan bahwa frekuensi alel O ($p = \frac{100}{208}$) adalah 0,48. Dengan demikian, frekuensi genotipe dalam populasi ternak menjadi 0,23 untuk genotipe OO, 0,50 untuk genotipe LO, dan 0,27 untuk genotipe LL. Nilai pemuliaan ($BV_{1.11}$) pada genotipe homisigous OO adalah 19,13 kg, $BV_{1.12}$ pada genotipe heterosigous LO adalah 0,74 kg, dan $BV_{1.22}$ pada genotipe homisigous LL adalah – 17,66 kg (Table 2).

Selanjutnya, dalam populasi ternak G_0 , deviasi dominan (D_{11}) pada genotipe homisigous OO adalah – 17,55 kg, D_{12} genotipe heterosigous LO adalah 8,26 kg, dan D_{22} genotipe homisigous LL adalah – 3,89 kg. Nilai pemuliaan dan deviasi dominan menentukan tingkat equilibrium eksistensi frekuensi genotipe dan phenotype untuk membentuk rata-rata populasi (μ) seperti terlihat dalam Tabel 2. Komponen kritis adalah peningkatan genetik pada

campuran bangsa sapi lokal melalui seleksi proporsi kecil pada titik trangkasi 10% terhadap intensifikasi seleksi pada kelompok elit induk diantara populasi ternak dengan adanya peningkatan positif bobot hidup ternak (Papatungan *et al.*, 2021).

Nilai phenotipe pada P₁₁, P₁₂, and P₂₂ adalah merupakan rata-rata nilai phenotipe dari bobot hidup ternak seperti terlihat dalam Table 2. Nilai-nilai phenotipe ini menunjukkan bahwa genotipe homosigous OO dan LL adalah lebih didominasi oleh kerja gen-gen aditif terhadap bobot hidup dibandingkan kerja gen-gen dominan. Namun, genotipe heterosigous LO dapat lebih didominasi oleh kerja gen deviasi dominan dibandingkan kerja gen aditif (Rifa'i, 2010). Perbedaan antara nilai-nilai pemuliaan adalah aditif dan menunjukkan terhadap nilai heritabilitas untuk suatu sifat ekonomis ternak seperti bobot hidup ternak (Van Vleck *et al.* 1987; Rifa'i, 2010). Nilai pemuliaan ternak induk (G₀) dalam kajian ini bervariasi dari -11,29 sampai 23,99 kg, sedangkan nilai pemuliaan pada induk sapi temperate bervariasi dari -15.0 to 22.0 kg (Van Vleck *et al.* 1987). Nilai pemuliaan ini menunjukkan bahwa induk campuran lokal ongole tidak jauh bervariasi dalam nilai pemuliaan dibandingkan induk-induk sapi temperate. Variasi nilai-nilai pemuliaan hendak memberikan peluang untuk seleksi genetik dalam peningkatan produktivitas melalui program grading up dengan teknik inseminasi buatan antar bangsa sapi-sapi lokal di bagian Timur Indonesia termasuk Provinsi Sulawesi Utara sebagai lokasi kajian ini.

Varians dan heritabilitas bobot hidup ternak

Rataan populasi adalah rata-rata phenotipe ternak. Observasi lapangan bervariasi dalam istilah rata-rata (mean). Variasi observasi untuk rata-rata (mean) dapat dihitung dalam istilah varians. Dalam kajian ini, varians disimbolkan (σ^2_p) untuk

merepresentasikan varian phenotipe. Nilai varian phenotipe (σ^2_p) populasi (G₀) dalam kajian ini adalah 203,69 kg. Varian aditif untuk nilai genetik adalah 135,46 kg. Dengan demikian, heritabilitas (h^2) bobot hidup ternak adalah 0,66 yang menunjukkan heritabilitas tinggi untuk sifat bobot hidup ternak. Sedangkan varians nilai genetik dominan (σ^2_D) adalah 68,23 kg, sehingga heritabilitas (h^2_D) bobot hidup ternak adalah 0,33 yang menunjukkan kategori heritabilitas sedang untuk sifat bobot hidup ternak campuran lokal (Hou *et al.* 2019). Kondisi ini ditunjukkan melalui analisis genotip aksi gen aditif dan aksi gen deviasi dominan yang menunjukkan respon seleksi ($\Delta\mu$) meningkatkan bobot badan secara signifikan ($P<0,01$) sebesar 19,59 kg pada populasi generasi G₁ dibandingkan bobot badan pada populasi generasi awal (G₀) seperti terlihat dalam Tabel 2.

Nilai heritabilitas tinggi (h^2 or h^2_A) dalam kajian ini mengindikasikan peran efek genotipe aditif homosigous pada kedua genotipe OO dan LL yang berkontribusi banyak terhadap rata-rata bobot hidup ternak dibandingkan efek genotype deviasi dominan membentuk nilai-nilai genotipe heterosigous (LO) dalam induk ternak (Table 2). Kejadian ini menyatakan kontribusi potensial terhadap pewarisan gen-gen bobot hidup ternak akibat efek gen-gen aditif (Table 2). Efek deviasi dominan adalah kemampuan gen dominan mengekspresikan sendiri sifat phenotipe, ketika gen dipasangkan dengan gen lain (dominan), yang hendak berekspresi sendiri dalam cara yang berbeda (Gazal *et al.*, 2018; Ashwini *et al.*, 2019; Pazokitoroudi *et al.* 2020). Untuk program pemuliaan dalam kajian ini, heritabilitas (h^2) memakai varian genetik aditif (σ^2_A) dapat lebih aplikatif secara tepat prediksi peningkatan sifat ekonomis bobot hidup ternak disebabkan the representasi and ekspresi aksi gen aditif kuantitatif yang terlibat pada satu lokus spesifik (Vitezica *et al.* 2013; Pazokitoroudi *et al.* 2020).

KESIMPULAN

Analisis genotip aksi gen aditif dan aksi gen deviasi dominan menunjukkan respon seleksi ($\Delta\mu$) peningkatan bobot badan ($P < 0.01$) sebesar 19,59 kg pada populasi generasi G_1 dibandingkan bobot badan pada populasi generasi awal (G_0). Penelitian ini menunjukkan potensi gen O dan gen L dalam regenerasi performans fenotipe bobot hidup unggul disebabkan komponen genotipe heterosigous campuran (LO). Nilai heritabilitas (h^2) sebagai efek gen aditif adalah 0,66 yang tergolong tinggi, sedangkan heritabilitas sebagai efek aksi deviasi gen dominan (h_D^2) adalah 0,33 yang tergolong heritabilitas sedang untuk pewarisan sifat bobot hidup ternak.

SARAN

Sebagai saran, gen-gen bobot hidup sapi Ongole (O) dan sapi Lokal (L) dapat dimasukkan sebagai gen potensial yang berkontribusi terhadap komponen genotipe heterosigous (LO) sebagai genotipe campuran sapi Lokal dan Ongole yang bersifat unggul dalam bobot hidup ternak.

UCAPAN TERIMA KASIH

Bantuan dana dari Universitas Sam Ratulangi melalui program kerjasama penelitian sangat dihargai dengan ucapan terima kasih. Authors juga berterima kasih kepada Bapak Jan Kuhu atas bantuan dalam proses pengumpulan data pada pusat pelayanan inseminasi buatan (IB) di desa Tumaratas, Kecamatan Langowan Barat, Kabupaten Minahasa, dan Saudara Rizky, S.Pt atas bantuan dalam pengumpulan data ternak di Kecamatan Sangkub, Kabupaten Bolaang Mongondow Utara, Provinsi Sulawesi Utara.

DAFTAR PUSTAKA

Ashwini J.P., P. Sanjay, G.J. Amipara, P.M. Lunagariya, D.J. Parmar and D.N.

Rank. 2019. Prediction of Body Weight based on Body Measurements in Crossbred Cattle. *International Journal of Current Microbiology and Applied Science*. 8 (3): 1597-1611.

Ayuk J. dan M.C. Sheppard. 2006. Growth hormone and its disorder. *Postgraduate Medical Journal*, 82(63):24-30.

Bycroft C., C. Freeman, D. Petkova, G. Band, L.T. Elliott, K. Sharp, A. Motyer, D. Vukcevic, O. Delaneau, dan J. O'Connell. 2018. The UK Biobank resource with deep phenotyping and genomic data. *Nature*, 56 (2): 203–209.

Cano G., M. Blanco, I. Casaus, X. Cortes-Lacruz, dan D. Villalba. 2016. Comparison of B-splines and non-linear functions to describe growth patterns and predict mature weight of female beef cattle. *Animal Production Sciences*, 56: 2161-2161.

Chawala A.R., G. Banos, D.M. Komwihangilo, A. Peters, dan M.G.G. Chagunda. 2017. Phenotypic and genetic parameters for selected production and reproduction traits of Mpwapwa cattle in low input production systems. *South African Journal of Animal Science*. 47(3): 307-319.

Evans L.M., R. Tahmasbi, S.L. Vrieze, G.R. Abecasis, S. Gazal, D.W. Bjelland, T.R. de Candia, M.E. Goddard, dan N. Neale. 2018. Comparison of methods that use whole genome data to estimate the heritability and genetic architecture of complex traits. *Nat. Genet*, 50: 737–745.

Gazal, S., P.R. Loh, H.K. Finucane, A. Ganna, A. Schoech, S. Sunyaev and A.L. Price. 2018. Functional architecture of low-frequency variants highlights strength of negative selection across coding

- and non-coding annotations. *Natural Genetics*. 50, 1600–1607.
- Hou, K., K.S. Burch, A. Majumdar, H. Shi, N. Mancuso, S. Sankararaman and B. Pasaniuc. 2019. Accurate estimation of snp-heritability from biobank-scale data irrespective of genetic architecture. *Natural Genetics*. 51, 1244–1251.
- Jakaria D., D. Duryadi, R.R. Noor, B. Tappa, dan H. Martojo. 2007. Evaluasi keragaman genetik hormon pertumbuhan (GH) pada sapi pesisir Sumatera Barat menggunakan penci PCR-RFLP. *Media Peternakan*, 30 (No.1):1-10.
- Maharani D., A.H.K. Amrullah, D.T. Widayati, S. Sumadi, A. Fathoni, dan M. Khusnudin. 2017. Predicting the age and weight at puberty of Ongole grade cattle and using nonlinear mathematical model in Kebumen Farmer Association. *J. Indonesian Trop. Anim. Agric.*, 42: 233-239.
- Maki-Tanila A. dan W.G. Hill. 2014. Influence of gene interaction on complex trait variation with multilocus models. *Genetics*, 198, 355–367.
- Maylinda S. 2011. Genetic polymorphism of growth hormone locus and its association with body weight in Grati dairy cows. *International Journal for Biotechnology and Molecular Biology Research*, 2(7):117-120.
- Paputungan, U., M.J. Hendrik, dan S.E. Siswosubroto. 2021. Comparison of the favorable gain values of genetic improvement among Indonesian grade cow breeds selected for agrotechnopark intensification. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture*. 46(2):106-113.
- Pazokitoroudi, A., A.M. Chiu, K.S. Burch, B. Pasaniuc and S. Sankararaman. 2021. Quantifying the contribution of dominance deviation effects to complex trait variation in biobank-scale data. *The American Journal of Human Genetics*. 108: 799–808.
- Pazokitoroudi A., Y. Wu, K.S. Burch, K. Hou, A. Zhou, B. Pasaniuc, dan S. Sankararaman. 2020. Efficient variance components analysis across millions of genomes. *National Communication*, 11, 4020.
- Ratnasari D., A. Atabany, B.P. Purwanto, dan I.B. Salman. 2019. Growth patterns of Holstein Friesian dairy cow (FH) from birth to first child based on mathematical analysis of the Gompertz model. *Bulletin Animal Science*, 43 (3): 184-187.
- Rifa'i M. 2010. *Genetika Rekombinasi dan Populasi*. Edisi Pertama. Penerbit Galaxy Science, Malang, 65145. ISBN: 978-602-97628: 1-5.
- Selvaggi M., V. Laudadio, A.G. D'Alessandro, C. Dario, dan V. Tufarelli. 2017. Comparison on accuracy of different nonlinear models in predicting growth of Podolica bulls. *Animal Science Journal*, 88 (8): 1128-1133.
- Sodhi M., M. Mukesh, B. Prakash, B.P. Misha, R.C. Solti, dan K.P. Singh. 2007. Msp1 allelic pattern of bovine gene in Indian zebu cattle (*Bos indicus*) breeds. *Biochemical Genetics*, 45 (1-2):145-153.
- Thekkoot D. 2017. Selection Intensity and Genetic Improvement. The University of Alberta and Genesis Inc. Animal breeding aims to improve livestock population by utilizing the genetic differences among individuals.
- Thundathil J.C., A.L. Dance, dan J.P. Kastelic. 2016. Fertility management of bulls to improve beef cattle productivity. *Theriogenology*, 86 (1): 397-405.
- Tutkun M. 2019. Growth curve prediction of Holstein-Fresian bulls using different non-linear model functions. *Applied Ecological and*

- Environmental Research. 17 (2): 4409- 4416.
- Van Vleck L.D., E.J. Pollak, dan E.A.B. Oltacu. 1987. Genetics for the Animal Science. W.H. Freeman and Company, New York.
- Vitezica, Z.G., L. Varona and A. Legarra. 2013. On the additive and dominant variance and covariance of individuals within the genomic selection scope. Genetics. 195, 1223– 1230.
- Yi-Fan W., L. Zheng, H. Niu, G.L. Zhang, G.M. Zhang, Y.L. Ma, Y.R. Tian, Y.R. Liu, P. Yang, D.Y. Yang, C.Z. Lei, R.H. Dang, X.L. Qi, H. Chen, B.Z. Huang, dan Y.Z. Huang. 2018. Exploring genotype-phenotype relationships of the CRABP2 gene on growth traits in beef cattle. Animal Biotechnology, 31(1): 42-51.
- Zhu Z., A.B. Anna, A.E. Vinkhuyzen, G. Hemani, S.H. Lee, I.M. Nolte, J.V. van Vliet-Ostaptchouk, H. Snieder, T.L.L.C. Study, T. Esko, L. Milani, R. Mägi, A. Metspalu, W.G. Hill, B.S. Weir, M.E. Goddard, P.M. Visscher, dan J. Yang. 2018. Dominance Genetic Variation Contributes Little to the Missing Heritability for Human Complex Traits. American Journal of Human Genetic, 96: 377–385.