

PERTANIAN

LAPORAN
HIBAH PENELITIAN STRATEGIES NASIONAL
TAHUN ANGGARAN 2009



MILIK
PERPUSTAKAAN
UNIVERSITAS AIRLANGGA
SURABAYA

MAPPING DNA BANTENG DI TAMAN NASIONAL BALURAN
DAN ANALISIS KEKERABATANNYA

KETUA PENELITI :

Prof. Dr. Ismudiono, drh., MS.
Dr. Sri Pantja Madyawati, drh., M.Si.

Dibiayai oleh DIPA Universitas Airlangga Tahun Anggaran 2009
sesuai dengan Surat Keputusan Rektor Universitas Airlangga Tentang
Kegiatan Penelitian Strategies Nasional
Nomor : 276/H3/KR/2009/Tanggal 16 Februari 2009

UNIVERSITAS AIRLANGGA
2009

PERTANIAN

LAPORAN
HIBAH PENELITIAN STRATEGIES NASIONAL
TAHUN ANGGARAN 2009

kk
kkc
LP. 99/10
ism
m



MILIK
PERPUSTAKAAN
UNIVERSITAS AIRLANGGA
SURABAYA

MAPPING DNA BANTENG DI TAMAN NASIONAL BALURAN
DAN ANALISIS KEKERABATANNYA

KETUA PENELITI :

Prof. Dr. Ismudiono, drh., MS.
Dr. Sri Pantja Madyawati, drh., M.Si.

Dibiayai oleh DIPA Universitas Airlangga Tahun Anggaran 2009
sesuai dengan Surat Keputusan Rektor Universitas Airlangga Tentang
Kegiatan Penelitian Strategies Nasional
Nomor : 276/H3/KR/2009 Tanggal 16 Februari 2009

UNIVERSITAS AIRLANGGA
2009

PERTANYAAN

LAPORAN

HIBAH PENELITIAN STRATEGIS NASIONAL

TAHUN ANGGARAN 2009



MILIK
PERPUSTAKAAN
UNIVERSITAS AIRLANGGA
SURABAYA

MAJLIS DAN BAHAS DI LINGKARAN KEMENTERIAN
PENDIDIKAN DAN KEBUDAYAAN

KETUA PENELITIAN :

Dr. Sri Hartono, M.Pd., Ph.D.
Dr. Sri Hartono, M.Pd., Ph.D.

Penelitian ini telah disetujui dan disahkan oleh
Majelis dan Bahas di Lingkungan Kementerian
Pendidikan dan Kebudayaan
Nomor : 270/150/2009 tanggal 15 Mei 2009

UNIVERSITAS AIRLANGGA
2009

LEMBAR PENGESAHAN

1. Judul Penelitian : **MAPPING DNA BANTENG DI TAMAN NASIONAL BALURAN DAN ANALISIS KEKERABATANNYA**

2. Ketua Peneliti :

a. Nama Lengkap	: Prof.Dr. Ismudiono, drh., MS.
b. Jenis Kelamin	: Laki-laki
c. Pangkat/Golongan	: Pembina Utama muda / IV d
d. NIP	: 130 687 297
e. Jabatan Struktural	: Direktur Airlangga University Press
f. Jabatan Fungsional	: Guru Besar
g. Fakultas/Jurusan	: Kedokteran Hewan
h. Perguruan Tinggi	: Universitas Airlangga
i. Alamat	: Kampus C Unair Jl. Mulyorejo Surabaya
j. Telepon/Faks	: (031) 5993016 / (031) 5993015
k. Alamat Rumah	: Jl. Dharmawangsa Dalam Selatan Surabaya
l. Telepon/Faks/E-mail	: 08113452004 / - / ismudiono@telkom.net
3. Jangka Waktu Penelitian	: 1 tahun
4. Pembiayaan	
a. Jumlah biaya yang diajukan ke Dikti	: Rp. 100.000.000,-
b. Jumlah biaya dari sumber pembiayaan lain	: -

Surabaya, 11 Desember 2009

Mengetahui
Dekan
Fakultas Kedokteran Hewan
Universitas Airlangga


Prof. Hj. Romziah Sidik, drh., Ph.D.
NIP. 130 687 305

Peneliti Utama


Prof. Dr. Ismudiono, drh., M.S.
NIP. 130 687 297

Mengetahui,
Ketua Lembaga Penelitian dan Pengabdian pada Masyarakat
Universitas Airlangga


Dr. Bambang Sektiari L. DEA., drh
NIP. 131 837 004



LEMBAR PENGESAHAN

1. Judul Penelitian : MAPPING DNA BANJENG DI TAMAN NASIONAL BALIBAN DAN ANALISIS KERABATANNYA

2. Nama Peneliti :

1. Nama Lengkap	Dr. Bambang Setiawan, S.Pd., M.Pd.
2. NIP	1971031001000000000
3. Jabatan	Dosen Tetap
4. Fakultas	Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan
5. Jurusan	Biologi
6. Alamat Lengkap	Jl. Pemuda No. 100, Semarang
7. No. Telp	021-5241001
8. No. Fax	
9. E-mail	
10. Tanggal Pengesahan	11 Desember 2009

Semarang, 11 Desember 2009

Peneliti Utama

Dr. Bambang Setiawan, S.Pd., M.Pd.
Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan
Universitas Sebelas Maret

Prof. Dr. Bambang Setiawan, S.Pd., M.Pd.
NIP. 1971031001000000000

Prof. Dr. Bambang Setiawan, S.Pd., M.Pd.
NIP. 1971031001000000000

Mengetahui,
Ketua Lembaga Penelitian dan Pengabdian pada Masyarakat
Universitas Sebelas Maret

Dr. Bambang Setiawan, S.Pd., M.Pd.
NIP. 1971031001000000000

PENGANTAR

Syukur Alhamdulillah kami panjatkan ke hadirat Allah SWT yang telah memberikan karunia dan kekuatan sehingga penelitian Hibah Strategies Nasional ini dapat kami laksanakan dengan baik. Adapun judul penelitian ini adalah "Mapping DNA Banteng di Taman Nasional Baluran dan Analisis kekerabatannya"

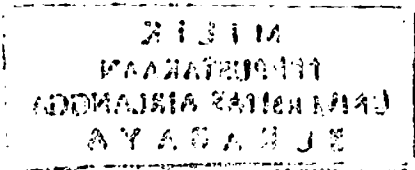
Pada kesempatan ini kami sampaikan terima kasih kepada :

1. Rektor Universitas Airlangga yang telah memberikan kesempatan untuk melakukan Hibah Penelitian Strategies Nasional melalui Dana DIPA Universitas Airlangga Tahun Anggaran 2009
2. Ketua Lembaga Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat atas diterimanya proposal penelitian kami
3. Dekan Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga yang telah merekomendasikan proposal penelitian kami hingga dapat diterima dan di danai
4. Kepala Laboratorium Animal BSL3 dan staf yang telah memberikan kesempatan untuk melakukan penelitian di laboratoriumnya

Hasil penelitian ini masih jauh dari sempurna, untuk itu kami sangat mengharapkan masukan dan saran untuk perbaikan penelitian ini.

Desember 2009

Penulis



PENGANTAR

Syukur Alhamdulillah kami perjakan ke luhian Allah SWT yang telah memberikan kami dan keluarga sehingga penelitian Hibah Strategis Nasional ini dapat kami laksanakan dengan baik. Adapun judul penelitian ini adalah "Atapung DNA Banteng di Taman Nasional Bukit Barisan dan Analisis kekerabatannya"

Tida kesempatan ini kami sampaikan terima kasih kepada :

1. Rektor Universitas Airlangga yang telah memberikan kesempatan untuk melakukan Hibah Penelitian Strategis Nasional melalui Dana DIPA Universitas

Airlangga Tahun Anggaran 2009

2. Ketua Lembaga Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat atas diterimanya

proposal penelitian kami

3. Dekan Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga yang telah

menkomendasikan proposal penelitian kami hingga dapat diterima dan di dana

4. Kepala Laboratorium Anatomi BSL2 dan staf yang telah memberikan kesempatan

untuk melakukan penelitian di laboratoriumnya

Hasil penelitian ini masih jauh dari sempurna, untuk itu kami sangat

mengharapkan masukan dan saran untuk perbaikan penelitian ini.

Desember 2009

Penulis

RINGKASAN

Penduduk Indonesia sekitar 220 juta jiwa masih akan terus bertambah, memberi gambaran nyata bahwa kebutuhan pangan nasional sangat besar dan terus meningkat. Pertumbuhan ekonomi, peningkatan pendidikan, urbanisasi dan arus globalisasi dapat dipastikan akan memberi pengaruh dan perubahan pada pola konsumsi masyarakat, yang pada gilirannya akan mendorong peningkatan permintaan pangan yang lebih berkualitas.

Keadaan ini dimungkinkan akan timbul kesenjangan dan defisit ketersediaan berbagai jenis komoditas bahan pangan yang cukup besar seperti bijian, gula, daging dan susu. Oleh karena itu, peningkatan produksi pangan nasional perlu dilakukan agar dapat mencukupi kebutuhan pangan, sehingga Indonesia tidak selalu bergantung pada impor. Di samping itu, perlu dilakukan peningkatan produktifitas dan efisiensi dalam produksi pangan untuk peningkatan daya saing serta peningkatan nilai tambah produk pangan.

Sementara itu, kemampuan Indonesia untuk memenuhi kebutuhan pangan bagi penduduknya tampak semakin menurun, terutama sejak terjadinya krisis pada pertengahan tahun 1997. Mengingat kekayaan alam Indonesia memiliki sumber keragaman plasma nutfah (*agrobiodiversity*), maka perlu diambil langkah konkrit guna pemantapan strategi kebijakan baru.

Sapi Madura dan Sapi Bali merupakan salah satu diantara sekian banyak sumber protein hewani asli Indonesia. Kemampuan produksi kedua jenis sapi ini dapat diharapkan untuk mengatasi persoalan kekurangan pangan tersebut. Tetapi pengkajian secara menyeluruh terhadap ke dua jenis sapi ini belum dilakukan secara maksimal. Demikian juga profil genetik yang dimiliki oleh kedua belum dilakukan secara menyeluruh dan maksimal yang memungkinkan pihak luar dapat menggunakan kekurangan yang belum dilakukan ini menjadi keuntungan mereka dan sebaliknya merugikan Bangsa Indonesia sebagai pemilik ke dua jenis sapi ini.

Pemetaan genetik dapat dilakukan terhadap kedua jenis sapi ini dengan tujuan memperoleh informasi genetik secara menyeluruh, sehingga dapat dijadikan bahan untuk mengajukan Paten terhadap ke dua jenis ini sebagai milik Bangsa Indonesia. Tujuan lain adalah hasil yang diperoleh dalam penelitian ini dapat dijadikan landasan untuk melakukan kepentingan pengkajian performans lainnya, seperti rekayasa genetik dan lain-lainnya (Hawken *et al.*, 2006).

Penelitian untuk pemetaan genetik ini digunakan metode *Whole-Genome Amplification* sehingga akan diperoleh informasi genetik lebih maksimal dibanding metode lainnya (Hawken *et al.*, 2006; Holbrook *et al.*, 2005)

Hasil analisis phylogenetik DNA mitokondria Banteng di TSI II dan KBS tidak terdapat perbedaan nyata tetapi berbedanyata bila dibandingkan dengan DNA mitokondria sapi Bali.

RINGKASAN

Penduduk Indonesia sekitar 220 juta jika masih akan terus bertambah. Pemberian gizi yang cukup kebutuhan pangan nasional sangat besar dan terus meningkat. Pertumbuhan ekonomi, peningkatan pendidikan, urbanisasi dan arus globalisasi dapat dipasokkan akan memberi pengaruh dan perubahan pada pola konsumsi masyarakat yang pada gilirannya akan mendorong peningkatan permintaan pangan yang lebih berkualitas.

Kecerdasan ini dimanfaatkan akan timbul kesenjangan dan defisit ketersediaan berbagai jenis komoditas bahan pangan yang cukup besar seperti biji-bijian, kacang-kacangan dan susu. Oleh karena itu peningkatan produksi pangan nasional perlu dilakukan agar dapat mencukupi kebutuhan pangan sehingga Indonesia tidak selalu bergantung pada impor. Untuk itu perlu dilakukan berbagai upaya penelitian dan efisiensi dalam produksi pangan untuk meningkatkan nilai tambah pangan.

Penelitian dan pengembangan dilakukan untuk memenuhi kebutuhan pangan bagi penduduknya yang telah mencapai 200 juta penduduk pada tahun 2007. Strategi penelitian yang inovatif dan terpadu akan dilakukan dengan memanfaatkan teknologi mutakhir (bioteknologi) maka perlu diambil langkah konkrit dalam penelitian untuk meningkatkan mutu.

Supi Madura dan Supi Bali merupakan salah satu sumber protein hewani yang bernilai tinggi. Penelitian pemanfaatan sumber protein hewani tersebut sebagai sumber protein untuk pakan ternak dilakukan secara bertahap. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian. Penelitian juga perlu genetic yang dilakukan dalam penelitian ini. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi yang mempengaruhi sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian.

Pemanfaatan genetik dapat dilakukan untuk meningkatkan mutu dan kualitas produk. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian.

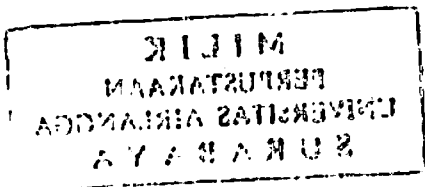
Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sifat-sifat nutrisi dan kandungan asam lemak bebas yang terkandung dalam supi yang akan dilakukan penelitian.

Hasil analisis gizi tersebut akan dibandingkan dengan DNA yang telah ada untuk mengetahui perbedaan yang terjadi berdasarkan DNA yang telah ada.

DAFTAR ISI

MILIK
PERPUSTAKAAN
UNIVERSITAS AIRLANGGA
SURABAYA

	Halaman
LEMBAR PENGESAHAN	ii
PENGANTAR	iii
RINGKASAN.....	iv
DAFTAR ISI	v
DAFTAR GAMBAR	vi
DAFTAR LAMPIRAN	vii
BAB 1. PENDAHULUAN	1
BAB 2. TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN	5
BAB 3. STUDI PUSTAKA	6
BAB 4. METODE PENELITIAN	9
BAB 5. HASIL DAN PEMBAHASAN PENELITIAN	13
BAB 6. KESIMPULAN DAN SARAN	21
DAFTAR PUSTAKA	22
LAMPIRAN	24



DAFTAR ISI

Halaman

ii	DAFTAR PENGESAHAN
iii	DAFTAR KONTAK
iv	DAFTAR KATA
v	DAFTAR ISI
vi	DAFTAR GAMBAR
vii	DAFTAR LAMPIRAN
1	ABSTRAK
2	ABSTRAK DAN MANFAAT PENELITIAN
6	ABSTRAK PENELITIAN
9	ABSTRAK PENELITIAN
13	ABSTRAK PENELITIAN
21	ABSTRAK PENELITIAN DAN SARAN
22	DAFTAR PUSTAKA
24	LAMPIRAN

DAFTAR GAMBAR

	halaman
Gambar 5.1. Banteng yang digunakan dalam pengambilan sampel penelitian di TSI II dan Kebun Binatang Surabaya.....	14
Gambar 5.2. Akar rambut banteng yang digunakan untuk analisis DNA.....	15
Gambar 5.3. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik	16
Gambar 5.4. Urutan nukleotida DNA Mitokondria Banteng dibandingkan dengan Sapi Bali.....	18

DAFTAR GAMBAR

halaman

Gambar 2.1. Banteng yang digunakan dalam pengumpulan sampel penelitian
di TST II dan Kebun Bimatang Surabaya..... 14

Gambar 2.2. Akar kumbur banteng yang digunakan untuk analisis DNA..... 15

Gambar 2.3. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik 16

Gambar 2.4. Urutan nukleotida DNA Mitokondria Banteng dibandingkan
dengan sapi Bali..... 18

DAFTAR LAMPIRAN

	halaman
Lampiran 1. Hasil Sequensing DNA Mitokondria Banteng	24

DAFTAR LAMPIRAN

Daftar Isi

1. Hasil Seputrening DNA Mitokondria Banteng 24



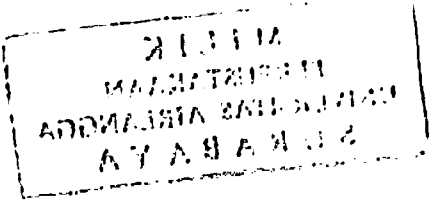
BAB 1
PENDAHULUAN

Penduduk Indonesia sekitar 220 juta jiwa masih akan terus bertambah, memberi gambaran nyata bahwa kebutuhan pangan nasional sangat besar dan terus meningkat. Pertumbuhan ekonomi, peningkatan pendidikan, urbanisasi dan arus globalisasi dapat dipastikan akan memberi pengaruh dan perubahan pada pola konsumsi masyarakat, yang pada gilirannya akan mendorong peningkatan permintaan pangan yang lebih berkualitas.

Keadaan ini dimungkinkan akan timbul kesenjangan dan defisit ketersediaan berbagai jenis komoditas bahan pangan yang cukup besar seperti bijian, gula, daging dan susu. Oleh karena itu, peningkatan produksi pangan nasional perlu dilakukan agar dapat mencukupi kebutuhan pangan, sehingga Indonesia tidak selalu bergantung pada impor. Di samping itu, perlu dilakukan peningkatan produktifitas dan efisiensi dalam produksi pangan untuk peningkatan daya saing serta peningkatan nilai tambah produk pangan.

Sementara itu, kemampuan Indonesia untuk memenuhi kebutuhan pangan bagi penduduknya tampak semakin menurun, terutama sejak terjadinya krisis pada pertengahan tahun 1997. Mengingat kekayaan alam Indonesia memiliki sumber keragaman plasma nutfah (*agrobiodiversity*), maka perlu diambil langkah konkrit guna pementapan strategi kebijakan baru.

Sapi Madura dan Sapi Bali merupakan salah satu diantara sekian banyak sumber protein hewani asli Indonesia. Seperti hewan ternak lainnya ke dua sapi ini telah mengalami domestikasi sejak 100 abad yang lalu. Kemampuan produksi kedua jenis sapi ini dapat diharapkan untuk mengatasi persoalan kekurangan pangan tersebut.



BAB I PENDAHULUAN

Produk Indonesia sekitar 20 juta jiwa masih akan terus bertambah. Memberikan gambaran nyata bahwa kebutuhan pangan nasional sangat luas dan terus meningkat. Peningkatan ekonomi, peningkatan pendidikan, urbanisasi dan arus globalisasi dapat memberikan akan memberi pengaruh dan perubahan pada pola konsumsi masyarakat. Pada gilirannya akan mendorong peningkatan permintaan pangan yang lebih berkualitas.

Kondisi ini ditunjukkan akan timbul kesenjangan dan defisit ketersediaan pangan jenis komoditas pangan yang cukup besar seperti bijian, gula, daging dan susu. Oleh karena itu, peningkatan produksi pangan nasional perlu dilakukan agar dapat mencukupi kebutuhan pangan sehingga Indonesia tidak selalu bergantung pada impor. Di samping itu, perlu dilakukan peningkatan produktivitas dan efisiensi dalam produksi pangan untuk meningkatkan daya saing serta meningkatkan nilai tambah produk pangan.

Sementara itu, kemampuan Indonesia untuk memenuhi kebutuhan pangan bagi penduduknya tampak semakin menurun, terutama sejak terjadinya krisis pada pertengahan tahun 1997. Mengingat kekayaan alam Indonesia memiliki sumber daya manusia yang melimpah, maka perlu diambil langkah konkret untuk memanfaatkan sumber daya tersebut.

Seperti halnya di Indonesia, seperti hewan ternak lainnya ke dua sapi ini telah mengalami domestikasi sejak 100 abad yang lalu. Kemampuan produksi kedua jenis sapi ini dapat ditingkatkan untuk mengatasi persoalan ketahanan pangan tersebut.

Tetapi pengkajian secara menyeluruh terhadap ke dua jenis sapi ini belum dilakukan secara maksimal. Demikian juga profil genetik yang dimiliki oleh kedua spesies tersebut belum dilakukan secara menyeluruh dan maksimal yang memungkinkan pihak luar dapat menggunakan kekurangan yang belum dilakukan ini menjadi keuntungan mereka dan sebaliknya merugikan Bangsa Indonesia sebagai pemilik ke dua jenis sapi ini.

Penelitian genoma hewan ternak agak sedikit berbeda dengan penelitian pada manusia atau organisma lainnya, karena banyaknya faktor yang dikehendaki dari seekor ternak yang berbeda satu sama lain. Sekelompok masyarakat menghendaki dari aspek produksi susu, kulit, daging, reproduksi dan sebagainya. Oleh karena itu pengkajian terhadap satu sifat seperti identifikasi monogenik penyakit menjadi tidak begitu penting. Jadi berbagai faktor pertumbuhan tersebut dikontrol oleh sejumlah lokus yang memberikan sifat kuantitatif (Quantitative Trait Loci /QTL). Quantitative Trait Loci ini didefinisikan sebagai suatu regio genoma yang memiliki satu atau lebih gen yang mempunyai sifat-sifat kuantitatif (Anderson, 2001)

Usaha pengembang-biakan terhadap berbagai spesies mengalami banyak kemajuan, setelah ditemukan DNA semua makhluk hidup. Berkembangnya berbagai teknologi yang berlandaskan aspek biologi molekular memungkinkan pengembang-biakan hewan ternak mengalami kemajuan yang sangat pesat. Bioteknologi reproduksi meliputi inseminasi buatan (IB), transfer embrio (TE), “multiple ovulation and embryo transfer” (MOET), sinkronisasi estrus dan superovulasi, kloning embrio dan lain-lain (Nasar *et al.*,2004)

Kemajuan teknologi perkembang-biakan tidak mengenal batas wilayah, yang ada hanya berdasarkan kepentingan yang ada, sehingga memungkinkan adanya plasma nutfah Indonesia dibawa ke luar negeri. Dengan menggunakan berbagai

Tapi pengujian secara menyeluruh terhadap ke dua jenis sapi ini belum dilakukan secara maksimal. Demikian juga profil genetik yang dimiliki oleh kedua spesies tersebut belum dilakukan secara menyeluruh dan maksimal yang memungkinkan pihak lain dapat menggunakan ketahanan yang belum dilakukan ini menjadi keuntungan mereka dan sebaiknya penelitian bangsa Indonesia sebagai pemilik ke dua jenis sapi ini.

Penelitian genom hewan ternak agak sedikit berbeda dengan penelitian pada manusia atau organisme lainnya, karena banyak faktor yang dikendalikan dari sektor ternak yang berbeda satu sama lain. Sekelompok masyarakat mengebok dari aspek produksi susu, kulit, daging, reproduksi dan sebagainya. Oleh karena itu penelitian terhadap satu sifat seperti identifikasi monogenik penyakit menjadi tidak terlalu penting. Jadi berbagai faktor pertumbuhan tersebut dikontrol oleh sejumlah faktor yang memberikan sifat kuantitatif (Quantitative Trait Loci (QTL)). Quantitative Trait Loci ini dibelajarkan sebagai suatu regio genom yang memiliki satu atau lebih lokus yang mempunyai sifat-sifat kuantitatif (Anderson, 2001).

Hasil pengembangan-biakan terhadap berbagai spesies mengalami banyak kemajuan, setelah ditemukannya DNA secara makhluk hidup. Berkembangnya berbagai teknologi yang berdasarkan aspek biologi molekuler memungkinkan pengembangan-biakan hewan ternak mengalami kemajuan yang sangat pesat. Bioteknologi reproduksi meliputi inseminasi buatan (IB), transfer embrio (TE), multiple ovulation induction (MOI), sinkronisasi estrus dan superovulasi, cloning embrio (embryo transfer), (MOET), sinkronisasi estrus dan superovulasi, cloning embrio (embryo transfer) (Nasir dkk, 2004).

Kemajuan teknologi berkembang-biakan tidak mengena pada wilayah yang hanya berdasarkan keberuntungan yang akan sehingga memungkinkan adanya kemajuan dalam Indonesia dibawa ke luar negeri. Dengan menggunakan berbagai

teknologi seperti diuraikan di atas, maka plasma nutfah asli Indonesia akan terlebur menjadi bentuk persilangan baru yang menjadi paten bagi negara yang menemukan. Namun dalam hewan ternak persilangan yang baru ini masih dapat dilacak segmen genetik terutama beberapa urutan-urutan DNA yang berasal dari ternak aslinya (Hawken *et al.*,2006).

Pemetaan genetik (DNA) dapat dilakukan terhadap sapi Madura dan sapi Bali dengan tujuan memperoleh informasi genetik secara menyeluruh, sehingga dapat dijadikan bahan untuk mengajukan Paten terhadap ke dua jenis ini sebagai milik Bangsa Indonesia. Tujuan lain adalah hasil yang diperoleh dalam penelitian ini dapat dijadikan landasan untuk melakukan kepentingan pengkajian performans lainnya, seperti rekayasa genetik dan lain-lainnya. Dengan demikian, Bangsa Indonesia masih tetap memiliki aset sapi Madura dan sapi Bali, meskipun telah mengalami perubahan bentuk fenotipnya.

Penelitian untuk pemetaan DNA merupakan ini digunakan metode *Whole-Genome Amplification* (WGA) sehingga akan diperoleh informasi genetik lebih maksimal dibanding metode lainnya (Hawken *et al.*,2006; Holbrook *et al.*,2005)

Whole-Genome Amplification adalah suatu prosedur in-vitro untuk melakukan amplifikasi suatu DNA genom untuk menghasil DNA yang teramplifikasi dan selanjutnya digunakan untuk analisis genetik molekular dengan pertimbangan adanya keterbatasan dalam pemetaan DNA yang telah dialami selama ini (Bergn *et al.*,2005)

Penelitian terhadap pemetaan DNA Sapi Madura dan Sapi Bali merupakan suatu usaha yang harus dilakukan, guna mengetahui secara tepat sifat dan karakter kedua hewan ternak tersebut. Sifat yang dimiliki ini bukan hanya dari sifat fenotipiknya melainkan juga dari kajian genotipik dan pemetaan DNAny.

teknologi seperti ditunjukkan di atas, maka plasma nutfah asli Indonesia akan terdapat
dan jadi bentuk perbandingan baru yang menjadi peran bagi negara yang memantulkannya.
Namun dalam hukum teknik perbandingan yang baru ini masih dapat dilacak sejumlah
genetik terutama beberapa urutan-urutan DNA yang berasal dari terdapat aslinya
(Hartman et al., 2006).

Perencanaan genetik (DNA) dapat dilakukan terhadap sapi Nubia dan sapi Bali
dengan tujuan memperoleh informasi genetik secara menyeluruh sehingga dapat
diperkirakan bahan untuk mengajutkan Bata terhadap ke dua jenis ini sebagai milik
Bangsa Indonesia. Tujuan lain adalah hasil yang diperoleh dalam penelitian ini dapat
dibaca langsung untuk melakukan kepentingan pengkajian performans lainnya.
serta relevansi genetik dan lain-lainnya. Dengan demikian, Bangsa Indonesia masih
dapat memiliki aset sapi Nubia dan sapi Bali meskipun telah mengalami perubahan
bentuk fenotipnya.

Penelitian untuk pemetaan DNA merupakan ini menggunakan metode Whole-
genome taylor (WGA) sehingga akan diperoleh informasi genetik lebih
luas asal dibanding metode lainnya (Hartman et al., 2006; Holbrook et al., 2005).

Whole-genome taylor adalah suatu prosedur in-vitro untuk melakukan
amplifikasi suatu DNA genom untuk menghasilkan DNA yang teramplifikasi dan
selanjutnya digunakan untuk analisis genetik molekuler dengan pertimbangan adanya
keuntungan dalam pemetaan DNA yang telah dilakukan selama ini (Hartman et al., 2005).

Penelitian terhadap pemetaan DNA Sapi Nubia dan Sapi Bali merupakan suatu
upaya yang harus dilakukan guna mengetahui secara tepat sifat dan karakter kedua
jenis ternak tersebut. Sifat yang dimiliki ini bukan hanya dari sifat fenotipalnya
melainkan juga dari kajian genetik dan pemetaan DNA/nya.

Setiap hewan ternak memiliki urutan DNA yang berbeda, meskipun sebagian besar sama untuk spesies yang sejenis. Perbedaan urutan DNA yang dimiliki oleh suatu hewan ternak dapat dijadikan suatu tanda yang khas untuk hewan ternak tersebut.

Berdasarkan pertimbangan di atas dapat disimpulkan bahwa penelusuran materi genetik (DNA mitokondria) Banteng di berbagai daerah di Jawa Timur sangat penting dan besar. Peranan faktor genetik sangat diperlukan dalam peningkatan pemahaman secara genetik Banteng di Indonesia dalam kaitannya dengan banteng-banteng lain yang terdapat di dunia. Sehingga mencegah terjadinya pengambilan hak pemilikan dari Banteng yang merupakan hewan asli Indonesia.

Setiap hewan ternak memiliki urutan DNA yang berbeda, meskipun sebagian besar sama untuk spesies yang sejenis. Perbedaan urutan DNA yang dimiliki oleh satu hewan ternak dapat dijadikan suatu tanda yang khas untuk hewan ternak tersebut.

Berdasarkan pertimbangan di atas dapat disimpulkan bahwa penelitian mengenai genetik (DNA mitokondria) Banten di berbagai daerah di Jawa Timur sangat penting dan besar. Peternak faktor genetik sangat diperlukan dalam peningkatan pemeliharaan suatu genetik Banten di Indonesia dalam kaitannya dengan panteng-panteng lain yang terdapat di dunia. Sehingga mencegah terjadinya pengamblian hak pemilikan oleh Banten yang merupakan hewan asli Indonesia.

BAB 2

TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN

2.1. TUJUAN PENELITIAN

Tujuan Jangka Pendek

Tujuan jangka pendek yang akan dicapai adalah :

1. Identifikasi dan karakterisasi faktor genetik berupa DNA mitokondria Banteng di Jawa Timur
2. Mengetahui sifat keunggulan dan kelemahan Banteng dari aspek genetik yang dimiliki oleh Banteng dengan cara melakukan Analisis Phylogenisisitas (kekerabatan) dengan DNA mitokondria dari famili Bovidae lainnya.

Tujuan Jangka Panjang

Tujuan jangka panjang yang akan dicapai adalah :

1. Mempunyai dasar genetik urutan DNA sebagai landasan bahwa Banteng merupakan plasma nutfah khas Indonesia.
2. Diperolehnya landasan dalam melakukan pelestarian dan pefungsian Banteng untuk kepentingan konservasi maupun lainnya dengan berdasar pada kajian genetik atau DNA yang dimiliki oleh Banteng.

2.2. Manfaat Penelitian

Penelitian tentang mapping DNA Banteng memberikan manfaat untuk mengetahui analisis kekerabatan DNA Banteng yang ada di Jawa Timur yang dapat digunakan sebagai dasar untuk menentukan bahwa Banteng adalah plasma nutfah asli Indonesia yang sangat penting untuk dilestarikan.

BAB 2

TUJUAN DAN MANFAAT PENELITIAN

2.1. TUJUAN PENELITIAN

Tujuan Jangka Pendek

Tujuan jangka pendek yang akan dicapai adalah :

1. Identifikasi dan karakterisasi lokus genetik berupa DNA mitokondria Banteng di Jawa Timur
Mengetahui sifat ketahanan dan ketahanan Banteng dari aspek genetik yang dimiliki oleh Banteng dengan cara melakukan Analisis Poligenisasi (kekerabatan) dengan DNA mitokondria dari famili Bovidae lainnya.

Tujuan Jangka Panjang

Tujuan jangka panjang yang akan dicapai adalah :

1. Menyusuri dasar genetik urutan DNA sebagai landasan bahwa Banteng merupakan plasma nutfah khas Indonesia.
2. Diperolehnya landasan dalam melakukan pelestarian dan peningkatan Banteng untuk kepentingan konservasi maupun lainnya dengan berdasar pada kajian genetik atau DNA yang dimiliki oleh Banteng.

2.2. Manfaat Penelitian

Penelitian tentang mapping DNA Banteng memberikan manfaat untuk mengetahui analisis kekerabatan DNA Banteng yang ada di Jawa Timur yang dapat digunakan sebagai dasar untuk melestarikan bahwa Banteng adalah plasma nutfah asli Indonesia yang sangat penting untuk dilestarikan.

BAB 3

STUDI PUSTAKA

Banyak spesies akhir-akhir ini mengalami penurunan yang sangat tajam disebabkan oleh karena hilangnya habitat aslinya dan perluasan aktivitas manusia. Ditambah dengan peningkatan pemanasan global yang terjadi dapat mengakibatkan percepatan terjadinya kepunahan tersebut.

Di samping pergerakan Banteng dari habitat aslinya dan memungkinkan pertemuan dengan famili Bovidae lainnya dapat mengakibatkan terjadinya hibridisasi antar anggota famili Bovidae (Todd *et al.*, 2000.)

Populasi dan penyebaran Banteng (*Bos javanicus*) mendapat tekanan yang semakin besar sebagai akibat kondisi habitatnya semakin menurun baik kuantitas maupun kualitas. Penurunan tersebut terjadi karena adanya suksesi yang kurang menguntungkan bagi proses pembinaan margasatwa, intervensi manusia, maupun perubahan komposisi jenis satwa yang berdiam di habitat banteng. Peristiwa masuknya banteng ke areal perkebunan maupun ke areal pemukiman masyarakat yang berbatasan langsung dengan hutan, menjadi salah satu dasar indikatornya. Peristiwa tersebut menimbulkan rangsangan perburuan liar semakin meningkat dengan berbagai alasan seperti merasa dalam bahaya khawatir akan keselamatannya dikarenakan kurangnya pemahaman masyarakat tentang pentingnya pelestarian banteng sebagai satwa liar yang dilindungi negara. Di sisi lain rendahnya tingkat pendapatan (ekonomi) masyarakat sekitar membuat nekat melakukan jual beli daging banteng dengan harga yang lebih murah, padahal nilai konservasinya jauh lebih tinggi dari sapi.

BAB 3 STUDI PUSTAKA

Untuk spesies ekotour ini mengalami penurunan yang sangat tajam di tahun 2014 karena hilangnya habitat aslinya dan penurunan aktivitas manusia. Di tahun dengan peningkatan pemansaan global yang terjadi dapat mengakibatkan perubahan perilaku keparahan tersebut.

Di samping pergerakan Banteng dan habitat aslinya dan memungkinkannya dengan famili Bovidae lainnya dapat mengakibatkan terjadinya hibridisasi antara anggota famili Bovidae (Todd & W., 2000).

Kelestarian dan pelestarian Banteng (*Bos javanicus*) mendapat tekanan yang semakin besar sebagai akibat kondisi habitatnya semakin menurun baik kuantitas maupun kualitas. Penurunan tersebut terjadi karena adanya akses yang kurang dimanfaatkan bagi proses pemukiman masyarakat manusia maupun perubahan komposisi jenis satwa yang berdimensi di habitat Banteng. Peristiwa ini akibat dampak ke arah perkembangan maupun ke arah pemukiman masyarakat yang berdampak langsung dengan hutan menjadi salah satu dasar indikator. Peristiwa tersebut menimbulkan kerusakan dan hilangnya habitat aslinya dengan berbagai alasan seperti merasa dalam bahaya khawatir akan keselamatannya dikarenakan kurangnya pemahaman masyarakat tentang pentingnya pelestarian banteng sebagai satwa liar yang dilindungi negara. Di sisi lain rendahnya tingkat pendapatan (ekonomi) masyarakat sekitar membuat mereka melakukan jual beli daging banteng dengan harga yang lebih murah. Padahal nilai konservasinya jauh lebih tinggi dari

Pemahaman mereka hanya sebatas banteng sama seperti sapi bali yang dapat dipotong seperti ternak lainnya. Sapi Bali sebagai ternak asli Indonesia merupakan hasil domestikasi dari banteng Jawa. Pengembangan sapi bali sebagai ternak saat ini menghadapi masalah serius, yakni rendahnya kualitas keturunan dan tingkat inbreeding yang tinggi ditandai munculnya beberapa penyimpangan fenotipe seperti penyimpangan warna bulu dan penurunan berat badan. serta kurangnya stok pejantan unggul untuk kawin dengan betina produktif.

Spesies yang mempunyai kekerabatan lebih dekat dengan Banteng adalah sapi Bali dan sapi Madura. Sapi Madura mempunyai ciri fenotip, tahan terhadap cuaca panas, mudah melakukan adaptasi terutama pada lingkungan yang tidak banyak ditumbuhi hijauan sebagai sumber makanannya. Meskipun demikian persentasi karkasnya lebih besar dibanding dengan sapi peranakan lainnya. Sapi Bali merupakan salah satu keturunan banteng di Indonesia. Sama seperti sapi Madura, mempunyai daya adaptasi yang baik pada lingkungan yang kurang baik bagi pertumbuhannya. Mempunyai kecepatan pertumbuhan dan persentase yang lebih baik dan lebih besar dibanding dengan sapi peranakan lainnya.

Setiap hewan ternak memiliki urutan DNA yang berbeda, meskipun sebagian besar sama untuk spesies yang sejenis. Perbedaan urutan DNA yang dimiliki oleh suatu hewan ternak dapat dijadikan suatu tanda yang khas untuk hewan ternak tersebut

Pencatatan populasi banteng secara nasional melalui penelitian/research sangat membantu upaya perbaikan genetik banteng. Dibutuhkan support hukum dari para pembuat kebijakan atau peraturan yang mengatur dan mengawasi keberadaan banteng sebagai satwa liar dilindungi.

Pemahaman mereka hanya sebatas panteng sama seperti sapi Bali yang dapat di-
dib-
pakan
ini
m-
in-
pe-
m-

Spesies yang mempunyai kekerabatan lebih dekat dengan Banteng adalah sapi
Bali dan sapi Madura. Sapi Madura mempunyai ciri fenotip, taban terdapat cacca
p-
di-
ka-
sa-
da-
M-

Setiap hewan ternak memiliki urutan DNA yang berbeda meskipun sebagian
be-
su-
191

penelitian populasi banteng secara nasional melalui penelitian research sangat
me-
pe-
se-

Banteng Jawa dan Sapi Bali merupakan satwa asli Indonesia yang perlu dilestarikan dan dimanfaatkan keberadaanya sehingga perlu upaya-upaya pengembangan lebih lanjut dari semua pihak.

Polymerase Chain Reaction (PCR) adalah suatu metode amplifikasi fragmen DNA yang dikembangkan pertama kali oleh Mullis *et al.* (1986), banyak digunakan untuk pengujian yang berhubungan dengan DNA antara lain dapat dimanfaatkan untuk karakterisasi genetik populasi, analisis inbreeding, studi keragaman serta kekerabatan genetik (Albustan *et al.*,2001). Penggunaan PCR sebagai metoda identifikasi Banteng Baluran dengan berdasar pada DNA mitokondria dapat diandalkan bisa berlangsung secara cepat.

Banteng Jawa dan sapi jati merupakan satwa asli Indonesia yang perlu dilestarikan dan dimantapkan keberadaannya sehingga perlu upaya-upaya pengembangan lebih lanjut dari satwa jati.

Polymerase Chain Reaction (PCR) adalah suatu metode amplifikasi fragmen DNA yang dikembangkan pertama kali oleh Mullis et al (1986). banyak digunakan untuk penelitian yang berhubungan dengan DNA antara lain dapat dimanfaatkan untuk karakterisasi genetik populasi, analisis inbreeding, studi ketertarikan serta kekerabatan genetik (Albustan et al, 2001). Penggunaan PCR sebagai metoda identifikasi Banteng Jawa dengan berdasar pada DNA mitokondria dapat dibandingkan bisa berlangsung secara cepat.

BAB 4

METODE PENELITIAN

Penelitian tentang Mapping DNA Banteng dilakukan mulai bulan Juni sampai Nopember 2009. Untuk pengambilan sampel akar rambut dilakukan di Kebun Binatang Surabaya dan Taman Safari Indonesia II Pasuruan yang diasumsikan mewakili populasi Banteng di Taman Nasional Baluran. Pelaksanaan karakterisasi dan identifikasi DNA mitokondria banteng dilakukan di Laboratorium Animal BSL3 Universitas Airlangga.

Penelitian ini merupakan penelitian Lapang dan laboratoris yang terdiri dari beberapa tahap penelitian, yaitu :

1. Pengambilan sampel rambut Banteng
2. Melakukan Identifikasi DNA mitokondria dari sampel yang dikumpulkan dengan menggunakan primer spesifik.
3. Melakukan sekuensing urutan DNA mitokondria guna mendapatkan bahan kajian genetik dari sampel yang telah dikumpulkan.
4. Melakukan analisis phylogenisisitas melalui urutan DNA mitokondria dari famili Bovidae yang tersebar di dunia.

Rancangan Penelitian

Rancangan yang digunakan adalah Rancangan Acak Lengkap (RAL), dengan asumsi semua perlakuan dihasilkan sama dari pengambilan sampel sampai dengan pengerjaan serta kondisi laboratorium.

Prosedur Penelitian

Penelitian ini dilakukan melalui beberapa tahapan sebagai berikut :

1. Pengambilan sampel rambut Banteng

METODE PENELITIAN

Penelitian tentang MAPPING DNA Banteng dilakukan mulai bulan Juni sampai
Agustus 2009. Untuk pengumpulan sampel akar rambut dilakukan di Kebun
Bintang Surabaya dan Taman Satwa Indonesia II Pasuruan yang dilaksanakan
pada 10 Juli 2009. Penelitian Banteng di Taman Nasional Baluran dilaksanakan karakteristik
dan identifikasi DNA mitokondria banteng dilakukan di Laboratorium Animal BSL3
Universitas Airlangga.

Penelitian ini merupakan penelitian lapangan dan laboratorium yang terdiri dari
beberapa tahap penelitian yaitu :

1. Pengumpulan sampel rambut Banteng
2. Melakukan identifikasi DNA mitokondria dan sampel yang dikumpulkan
dengan menggunakan primer spesifik.
3. Melakukan sekvensing urutan DNA mitokondria guna mendapatkan
bahan kajian genetik dari sampel yang telah dikumpulkan.
4. Melakukan analisis phylogenetic melalui urutan DNA mitokondria dari
famili Bovidae yang tersebar di dunia.

Rancangan Penelitian

Rancangan yang digunakan adalah Rancangan Acak Lengkap (RAL) dengan
satu kali semua perlakuan dilaksanakan sama dari pengumpulan sampel dengan
pengujian serta kondisi laboratorium.

Prosedur Penelitian

Penelitian ini dilakukan melalui beberapa tahapan sebagai berikut :

1. Pengumpulan sampel rambut Banteng

2. Melakukan isolasi dan Identifikasi DNA mitokondria dari sampel yang dikumpulkan dengan menggunakan primer spesifik.
3. Melakukan sekuensing urutan DNA mitokondria guna mendapatkan bahan kajian genetik dari sampel yang telah dikumpulkan.
4. Melakukan analisis phylogenisisitas melalui urutan DNA mitokondria dari family Bovidae yang tersebar di dunia.

1. Pengambilan sampel rambut Banteng di Kebun Binatang Surabaya dan Taman Safari Indonesia II Pasuruan

Pengambilan sampel dilakukan dengan cara melakukan pencabutan rambut didaerah leher pada Banteng

2. Melakukan isolasi dan identifikasi DNA mitokondria dari sampel yang dikumpulkan dengan menggunakan primer spesifik.

Sebanyak 100 ul akar rambut dari Banteng dilarutkan dengan 750 larutan Trizol-LS, kemudian setelah ditunggu beberapa saat ditambahkan kloroform secukupnya. Kemudian disentrifus dengan kecepatan tinggi untuk memisahkan DNA dengan bahan lainnya. Ditambahkan Isopropanol guna melakukan presipitasi DNA yang pada larutan tersebut. Setelah dilarutan sentifus dengan kecepatan tinggi, dilakukan pencucian dengan etanol 70% dan dikeringkan dalam pengering secara vakum. Pelet yang diperoleh dilarutkan dengan aquades steril sebanyak 15 ul.

3. *Polymerase Chain Reaction (PCR) DNA Mitokondria.*

Sebanyak 5 ul larutan cDNA digunakan sebagai cetakan untuk perlakuan PCR. Enzim yang digunakan adalah Tth Polymerase. Masing-masing regio

2. Melakukan isolasi dan identifikasi DNA mitokondria dari sampel yang dikumpulkan dengan menggunakan primer spesifik.
3. Melakukan sekvensing urutan DNA mitokondria guna mendapatkan bahan kajian genetik dari sampel yang telah dikumpulkan.
4. Melakukan analisis phylogenetic melalui urutan DNA mitokondria dari family Bovidae yang tersebar di dunia.

1. Pengambilan sampel rambut rintang di Kebun Hiasan Surabaya dan

Taman Safari Indonesia II Pasuruan

Pengambilan sampel dilakukan dengan cara melakukan pencabutan rambut dibarengi leher pada kambing.

1. Melakukan isolasi dan identifikasi DNA mitokondria dari sampel yang dikumpulkan dengan menggunakan primer spesifik.

Sebanyak 100 ul akan diambil dari rambut di bagian dengan 750 jarum Trixol-1.2. Kemudian setelah diunggu beberapa saat ditambahkan kloroform secukupnya. Kemudian disentrifus dengan kecepatan tinggi untuk memisahkan DNA dengan bahan lainnya. Ditambahkan isopropanol guna melakukan presipitasi DNA yang pada larutan tersebut setelah dilarutkan kembali dengan kecepatan tinggi dilakukan pencucian dengan etanol 70% dan dikeringkan dalam pengering secara vakum. Pellet yang diperoleh diturunkan dengan paduan steril sebanyak 15 ul.

2. Polymerase Chain Reaction (PCR) DNA Mitokondria.
Sebanyak 2 ul larutan cDNA digunakan sebagai template untuk melakukan PCR. Enzim yang digunakan adalah Taq Polymerase. Vasing-masing regio

memiliki dua set primer yang digunakan untuk PCR tahap pertama dan PCR tahap kedua. Hal ini dilakukan karena metode PCR yang digunakan untuk mengamplifikasi DNA mitokondria pada akar rambut.

Untuk DNA Mitokondria digunakan sepasang primer yaitu p-166 dan p-167R untuk PCR tahap pertama, sementara itu untuk tahap kedua digunakan pasangan primer yang terdiri p-23, p-24, p26 dan p28.

4. Elektroforesis

Elektroforesis ini digunakan untuk mengetahui hasil dari amplifikasi dengan PCR dengan melihat pita yang terdapat pada gel. Pembuatan gel melalui cara menimbang agarose sebanyak 0.8 g dilarutkan pada larutan TBE 0,5 X sebanyak 40 ul. Larutan gel ditambah etidium bromid sebanyak 1 ul. Setelah dijalankan kemudian dilakukan pemotretan dengan terlebih dahulu.

5. Pemurnian Hasil PCR

DNA hasil PCR yang positif selanjutnya dilakukan pemurnian menggunakan *Purification PCR-Kit* dari Qiagen.

6. DNA Sequencing

DNA mitokondria dari semua sampel, setelah dimurnikan sequens DNA ditentukan dengan menggunakan mesin ABI Prism 310 Genetic Analyser, yang terdapat di Tropical Disease Center - Universitas Airlangga dengan menggunakan Big Dye Terminator (Perkin Elmer Cetus).

7. Analisis Genetik untuk Klasifikasi dan Pohon Filogenetik

Untuk keperluan analisis Genetik dan pembuatan pohon filogenetik dilaksanakan dengan menggunakan serangkaian program analisis Genetik

memiliki dua set primer yang digunakan untuk PCR tahap pertama dan PCR tahap kedua. Hal ini dilakukan karena metode PCR yang digunakan untuk mengamplifikasi DNA mitokondria pada akar tumbuhan.

Untuk DNA Mitokondria digunakan pasangan primer yaitu p-100 dan p-107R untuk PCR tahap pertama, sementara ini untuk tahap kedua digunakan pasangan primer yang terdiri p-23, p-24, p-26 dan p-28.

1. Elektroforesis

Elektroforesis ini dilakukan untuk mengetahui hasil dari amplifikasi dengan PCR dengan melihat pola yang terdapat pada gel. Pembuatan gel melalui cara menimbang agarose sebanyak 0,8 g dilarutkan pada larutan TBE 0,5 X sebanyak 30 ml. Larutan gel ditambah etidium bromida sebanyak 1 ul. Setelah ditambahkan kemudian pemotretan dengan terlihat seperti.

2. Pemurnian Hasil PCR

DNA hasil PCR yang positif selanjutnya dilakukan pemurnian menggunakan *QIAquick PCR-Purification Kit* dari Qiagen.

3. DNA Sequencing

DNA mitokondria dari semua sampel setelah dimurnikan dengan DNA diturunkan dengan menggunakan mesin ABI Prism 310 Genetic Analyzer yang terdapat di Tropical Disease Center - Universitas Airlangga dengan menggunakan Big Dye Terminator (Perkin Elmer Corp).

4. Analisis Genetik untuk Klasifikasi dan Populasi Filogenetik

Untuk keperluan analisis Genetik dan pembuatan pohon filogenetik dilaksanakan dengan menggunakan sekuen hasil analisis Genetik

yaitu Program Genetic Wins V.8; program ATGC V.9; Program EditView 3.5
NT-V.7; dan Program TreeView V.6.

yaitu Program Genetic Wlas V.8; program ATCC V.9; Program EditView 3.5.

NT-V.7; dan Program TreeView V.6.

BAB 5

HASIL DAN PEMBAHASAN PENELITIAN

5.1. Pengambilan Sampel Penelitian

Dalam pelaksanaan penelitian ini terdapat beberapa kendala dalam birokrasi pengambilan sampel dari Banteng yang dalam proposal penelitian diambil di Taman Nasional Baluran. Banteng termasuk satwa liar yang sulit dalam *handling* berkaitan dengan pengambilan sampel (pengambilan darah atau pencabutan rambut leher). Untuk itu tempat penelitian dialihkan ke Taman Safari Indonesia II dan Kebun Binatang Surabaya dimana banteng yang berada di dua lokasi tersebut merupakan keturunan dari banteng yang ada di Taman Nasional Baluran.

Gambar 5.1. dibawah ini merupakan banteng yang digunakan sebagai hewan coba penelitian untuk pengambilan sampel rambut yang beradadi TSI II dan Kebun Binatang Surabaya.

2.1. Pengambilan Sampel Penelitian

Dalam pelaksanaan penelitian ini terdapat beberapa kendala dalam proses pengambilan sampel dari banteng yang dalam proposal penelitian diambil di Taman Nasional Banteng. Banteng termasuk satwa liar yang sulit dalam kawling berkaitan dengan pengambilan sampel (pengambilan darah dan pencabutan rambut leher). Untuk itu tempat penelitian dialihkan ke Taman Safari Indonesia II dan Kebun Binatang Surabaya dimana banteng yang berada di dua lokasi tersebut merupakan keturunan dari banteng yang ada di Taman Nasional Banteng.

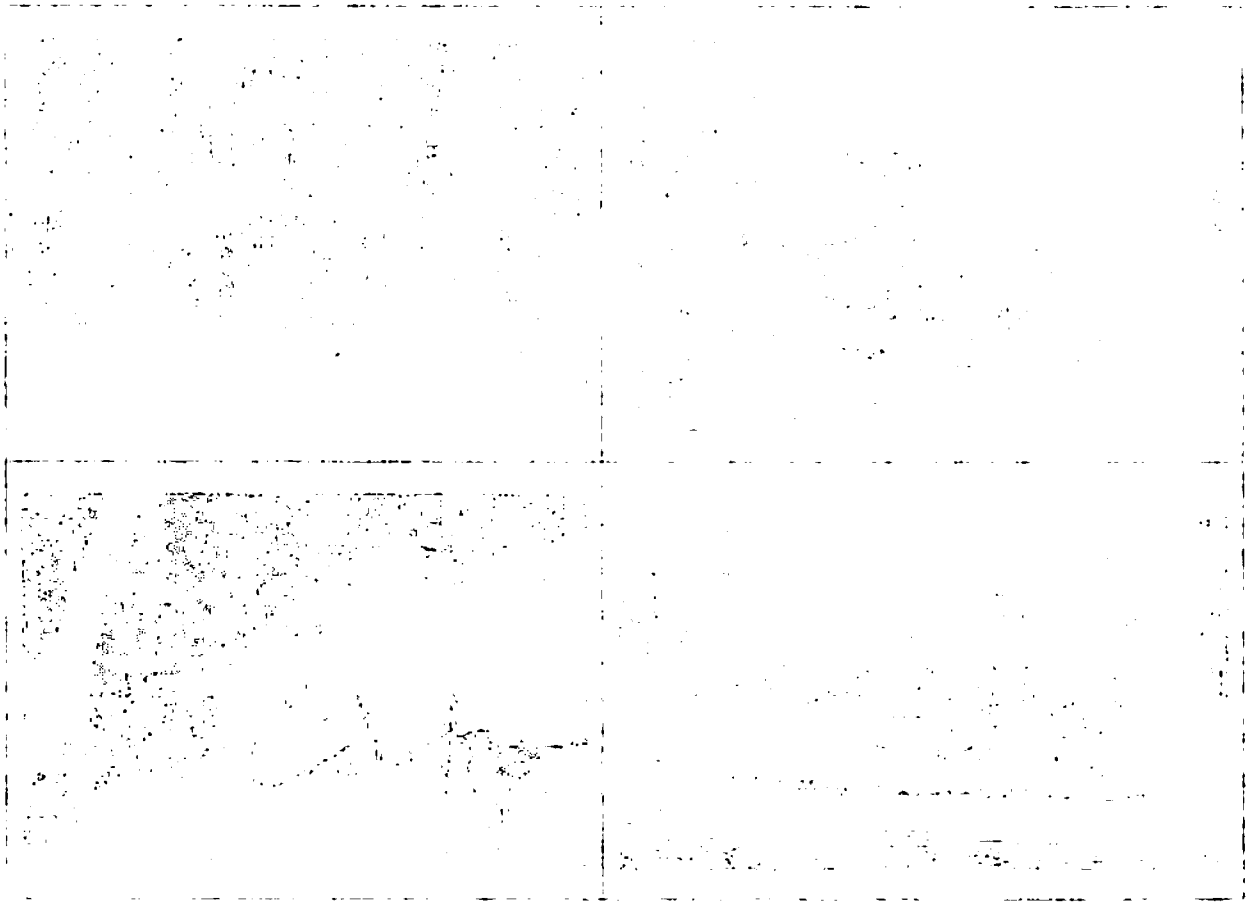
Gambar 2.1 dibawah ini merupakan banteng yang digunakan sebagai hewan penelitian untuk pengambilan sampel rambut yang berada di TSI II dan Kebun Binatang Surabaya.



Gambar 5.1. Banteng yang digunakan dalam pengambilan sampel penelitian di TSI II dan Kebun Binatang Surabaya

5.2. Penyiapan Material DNA

Material DNA untuk digunakan sebagai bahan pengujian dilakukan dengan pengambilan rambut dari Banteng dengan mengikutkan akar dari rambut tersebut. Sampel akar rambut banteng yang diambil dapat diamati pada Gambar 5.2. di bawah ini :



Gambar 2.1. Bancang yang digunakan dalam pengambilan sampel penelitian di TST II dan Kebun Binatang Surabaya

2.2. Penyajian Material DNA

Material DNA untuk digunakan sebagai bahan penelitian dilakukan dengan pengambilan sampel dari bancang dengan menggunakan alat dari rambot tersebut. Sampel dari rambot bancang yang diambil dapat dilihat pada Gambar 2.2. di bawah

ini

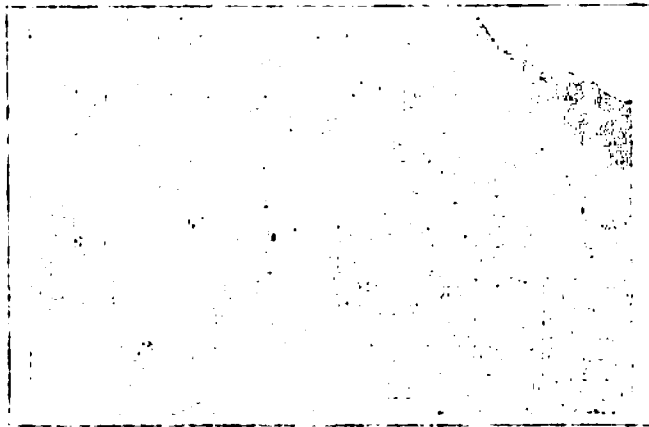


Gambar 5.2. Akar rambut banteng yang digunakan untuk analisis DNA mitokondria

5.3. Pengujian DNA Mitokondria Banteng

Hasil isolasi DNA dari akar rambut dapat diamati setelah dilakukan elektroforesis secara horizontal dengan gel agarosa 1% dan ditambahkan etidium bromide untuk pewarnaannya. Pengamatan pita DNA mitokondria hasil elektroforesis dilakukan dibawah sinar ultra violet (UV) selanjutnya difoto dengan film Polaroid (Gambar 5.3).

Hasil visualisasi pita DNA mitokondria pada gel agarosa 1% terlihat bersih, jelas dengan ketebalan relatif sama. Ukuran fragmen DNA mitokondria akar rambut banteng disebut pasangan basa (pb), pita DNA mitokondria terletak sejajar dengan pita *marker DNA standard*. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik dapat dilihat pada Gambar 5.3. di bawah ini.

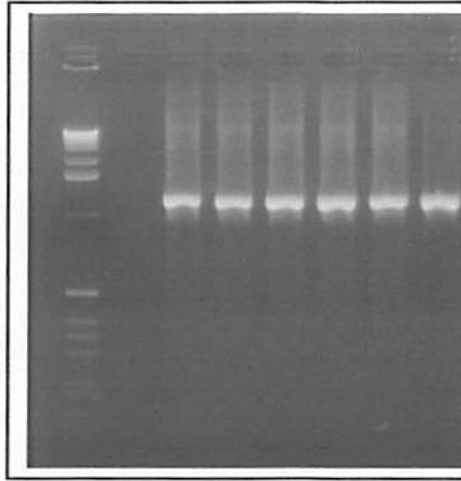


Gambar 2.2. Alan tamba pancing yang digunakan untuk analisis DNA mitokondria

2.1. Pengujian DNA Mitokondria Banteng

Hasil tesasi DNA dari alan tamba pancing yang diambil setelah dilakukan elektroforesis secara horizontal dengan gel agarosa 1% dan ditambatkan etidium bromida untuk pengujiannya. Pengujiannya pada DNA mitokondria hasil elektroforesis dilakukan dengan menggunakan alat uji (UV) selanjutnya difoto dengan film Polaroid (Gambar 2.2).

Hasil visualisasi pada DNA mitokondria pada gel agarosa 1% terlihat bersih. Hal ini dengan ketebalan relatif sama. Jumlah fragmen DNA mitokondria akan tamba pancing yang didapat pancing pada foto pada DNA mitokondria terlihat sejajar dengan pancing DNA standar. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik dapat dilihat pada Gambar 2.2 di bawah ini.

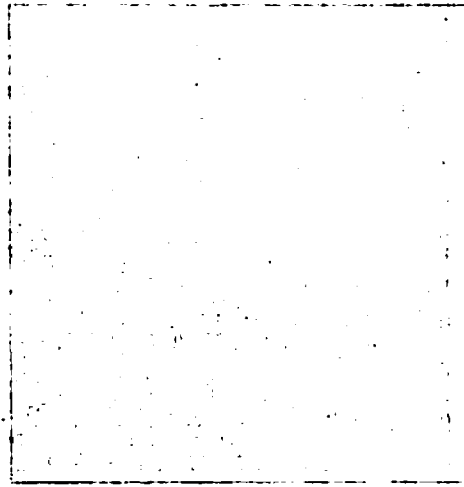


Gambar 5.3. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik

DNA merupakan bahan yang mengandung materi genetik, serta diketahui dalam sistem pengendalian melalui *basic sequence* terhadap pengiriman molekul RNA. DNA juga mempunyai *basic sequence* terhadap penyebaran molekul RNA. Selanjutnya molekul RNA berperan dalam mengendalikan sintesis protein, baik yang bersifat enzim maupun dengan cara melewati *sequence* spesifik dari asam amino dalam rantai peptidanya (Widodo dan Hakim, 1981).

Mitokondria merupakan salah satu organel yang berada dalam sitoplasma sel makhluk hidup. Peran utama dari mitokondria adalah metabolisme oksidasi dan pembentukan Adenosin Triphosphate (ATP). ATP menyediakan energi untuk berbagai macam proses biologi seperti biosintesis protein, fotosintesis, kontraksi otot. Mitokondria normal mengandung protein sitokrom yang penting untuk menghasilkan energi, DNA, enzim DNA polimerase dan mRNA (Suryo, 1995).

Pada proses amplifikasi DNA dengan metode PCR membutuhkan DNA murni, karena apabila masih ada kontaminan akan menyebabkan kesalahan interpretasi hasil PCR (Artama,1991). Selanjutnya diperlukan konsentrasi dan tingkat kemurnian DNA untuk menghasilkan visualisasi pita DNA yang jelas. Menurut Artama (1991) hasil isolasi DNA yang tidak murni mengakibatkan akurasi penetapan



Gambar 2. Hasil PCR dengan pita DNA yang spesifik

DNA merupakan bahan yang mengandung materi genetik serta dikontrol dalam sistem pengendalian melalui suatu mekanisme terhadap konfigurasi molekul RNA. DNA juga mempunyai suatu mekanisme terhadap penyebaran molekul RNA. Selanjutnya molekul RNA berperan dalam mengendalikan sintesis protein, baik yang bersifat enzim maupun dengan cara membawa spesifik dan asam amino dalam rantai peptidanya (Widodo dan Hartono, 1981).

Mitochondria merupakan salah satu organel yang berada dalam sitoplasma sel animal hidup. Peran utama dari mitochondria adalah metabolisme oksidasi dan pelepasan Adenosin Triphosphate (ATP), ATP menyediakan energi untuk berbagai macam proses biologis seperti biosintesis protein, fotosintesis, kontraksi otot. Mitochondria normal mengandung protein sitokrom yang penting untuk menghasilkan energi. DNA kromosom DNA polimerase dan mRNA (Suzuki, 1992).

Pada proses amplifikasi DNA dengan metode PCR menggunakan DNA template, karena apabila masih ada kontaminasi akan menyebabkan kesalahan interpretasi hasil PCR (Ariantoro, 1991). Selanjutnya diperlukan konsentrasi dan jumlah kontaminan DNA untuk mengklasifikasi pita DNA yang jelas. Menurut Ariantoro (1991) hasil isolasi DNA yang tidak murni mengakibatkan adanya pita-pita

konsentrasi asam nukleat tidak dimungkinkan. Konsentrasi DNA yang terlalu tinggi atau terlalu rendah akan menyebabkan pola pita yang terbentuk hasil amplifikasi fragmen DNA tidak bisa diandalkan.

Pada Gambar 5.3 dapat dilihat pita DNA spesifik setelah melalui proses karakterisasi dan identifikasi DNA dari akar rambut banteng serta melalui metode PCR.

5.4. Hasil Sequensing dari DNA Mitokondria Banteng

Hasil sequencing dari DNA mitokondria Banteng sebagaimana tertera dalam lampiran 1. Selanjutnya hasil tersebut dilakukan analisis kekerabatan (phylogenesis) dengan sapi bali, sebagaimana terlihat pada Gambar 5.4. di bawah ini.

1. konsentrasi asam nukleat tidak dimungkinkan. Konsentrasi DNA yang telah tinggi
2. u telah rendah akan menyebabkan pola pita yang terbentuk hasil amplifikasi
3. tamen DNA tidak bisa diandalkan.

Pada Gambar 2.3 dapat dilihat pita DNA spesifik setelah melalui proses
elektroforesis dan identifikasi DNA dari akar rambut panjang serta melalui metode
P. R.

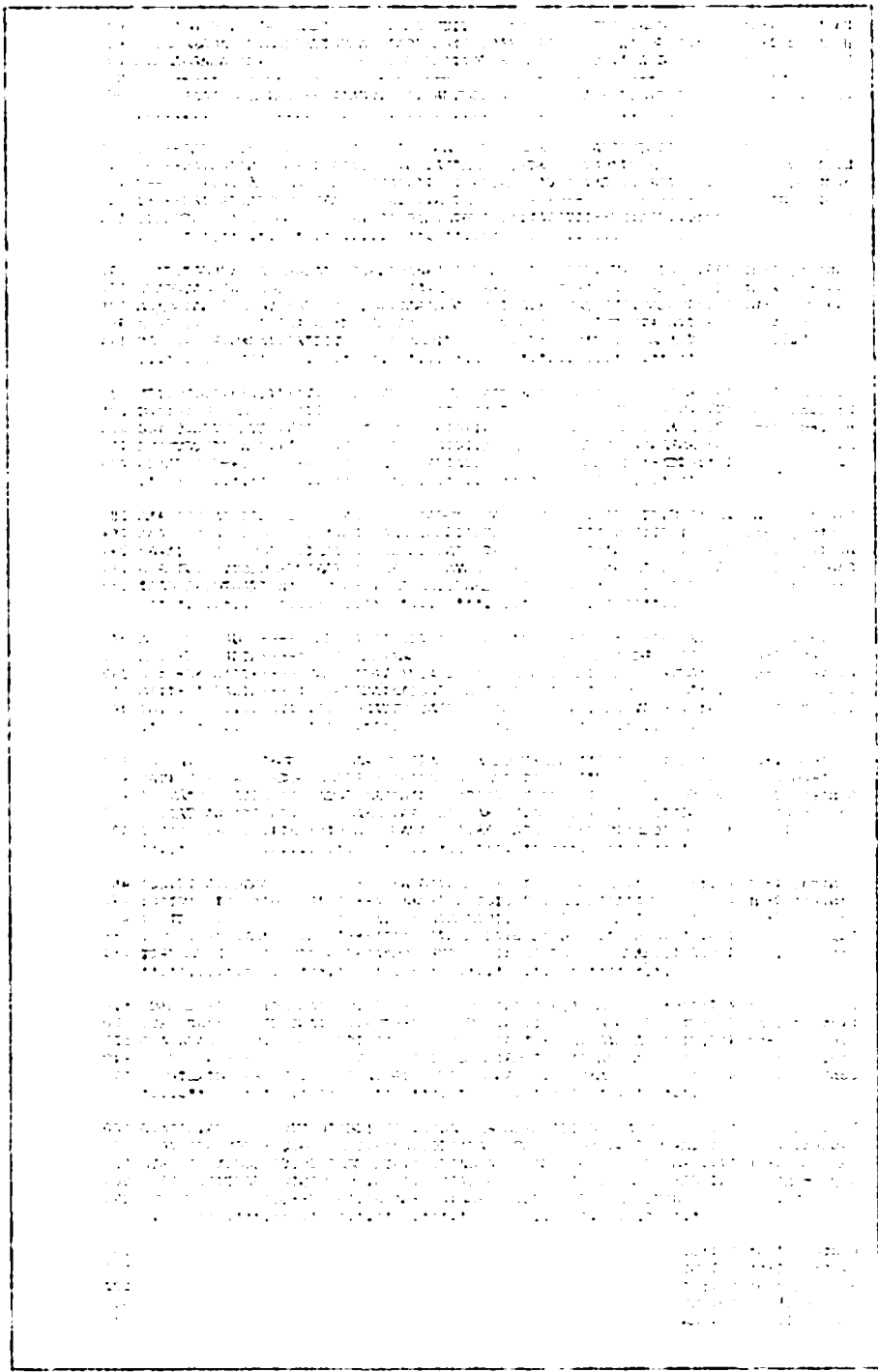
5. Hasil sequencing dari DNA Mitokondria Rambut

Hasil sequencing dari DNA mitokondria Rambut sebagaimana tertera dalam
lampiran 1. Sedangkan hasil tersebut dilakukan analisis kekerabatan
phylogenetic) dengan sapi bali sebagaimana terlihat pada Gambar 2.4. di
ini dan ini.

Banteng 1-nt	1:ATGGCATAATCCATACACTAGGCTTCCAGATGCAACATCACCATCAZAGAGACTG	60
Banteng 2-nt	1:ATGGCATAATCCATACACTAGGCTTCCAGATGCAACATCACCATCAZAGAGACTG	60
Banteng 3-nt	1:ATGGCATAATCCATACACTAGGCTTCCAGATGCAACATCACCATCAZAGAGACTG	60
Sapi - nt	0:-----	0
Sapi Bali	1:TATCTGCCGGAGCTGAACTAGGCTGAAATTATTGATA-----CATACAGCAAAAGGAG	56
.....		
Banteng 1-nt	61:CTTCACCTTTTCATGACCACACGCTAATAATTTGCTTCTTAATTAGCTCATTAGTAC	116
Banteng 2-nt	61:CTTCACCTTTTCATGACCACACGCTAATAATTTGCTTCTTAATTAGCTCATTAGTAC	116
Banteng 3-nt	61:CTTCACCTTTTCATGACCACACGCTAATAATTTGCTTCTTAATTAGCTCATTAGTAC	116
Sapi - nt	1:-----ACTAATAATTTGCTTCTTAATTAGCTCATTAGTAC	136
Sapi Bali	57:CTTCACCTTTTCATGACCACACGCTAATAATTTGCTTCTTAATTAGCTCATTAGTAC	114
.....		
Banteng 1-nt	117:TTACATCAITTCACCTGATCTAAGCAAAACTGCTCATAACGCAAAATAGATGCACA	176
Banteng 2-nt	117:TTACATCAITTCACCTGATCTAAGCAAAACTGCTCATAACGCAAAATAGATGCACA	176
Banteng 3-nt	117:TTACATCAITTCACCTGATCTAAGCAAAACTGCTCATAACGCAAAATAGATGCACA	176
Sapi - nt	37:TTACATCAITTCACCTGATCTAAGCAAAACTGCTCATAACGCAAAATAGATGCACA	96
Sapi Bali	115:TTACATCAITTCACCTGATCTAAGCAAAACTGCTCATAACGCAAAATAGATGCACA	174
.....		
Banteng 1-nt	177:AGAAGTAGAGCAATCTGAACCAITTCGCCCGCTATTATTAAITCTAATTTGCTCTCC	236
Banteng 2-nt	177:AGAAGTAGAGCAATCTGAACCAITTCGCCCGCTATTATTAAITCTAATTTGCTCTCC	236
Banteng 3-nt	177:AGAAGTAGAGCAATCTGAACCAITTCGCCCGCTATTATTAAITCTAATTTGCTCTCC	236
Sapi - nt	97:AGAAGTAGAGCAATCTGAACCAITTCGCCCGCTATTATTAAITCTAATTTGCTCTCC	156
Sapi Bali	175:AGCA--TTACTAGGATATGTACTCCATGAGGACAAATATC--ATTCTGA--GGAGCAACA	229
.....		
Banteng 1-nt	237:TTCTTTACGAATC--TTATACATAATGGATGAATCAATAATCCATCCCTTACGGTAAA	294
Banteng 2-nt	237:TTCTTTACGAATC--CTGTATATAATGGATGAATCAATAATCCATCCCTTACGGTAAA	294
Banteng 3-nt	237:TTCTTTACGAATC--CTATACATAATGGATGAATCAATAATCCATCCCTTACGGTAAA	294
Sapi - nt	157:TTCTTTACGAATC--CTATACATAATGGATGAATCAATAATCCATCCCTTACGGTAAA	214
Sapi Bali	230:GTATATACCAACCTCTATCAGCAATCCATACATC--GGCAGCAATTTAGTCCGATGAT	288
.....		
Banteng 1-nt	295:ACCATAGGACATCACTGATCTGAAGCTAGCAATACACAGATT----ATGAGGAC--TTAA	349
Banteng 2-nt	295:ACCATAGGACATCACTGATCTGAAGCTAGCAATACACAGATT----ATGAGGAC--TTAA	349
Banteng 3-nt	295:ACCATAGGACATCACTGATCTGAAGCTAGCAATACACAGATT----ATGAGGAC--TTAA	349
Sapi - nt	215:ACCATAGGACATCACTGATCTGAAGCTAGCAATACACAGATT----ATGAGGAC--TTAA	269
Sapi Bali	289:CTGAGGTGGATTCTCAGTAGATAAGCAACCTTACCCGGTTTTTCGCTTCCACTTAT	348
.....		
Banteng 1-nt	350:GCTTCGACTCCTACATAATCCACATCAGAAATTAAGCCAGGGGACTACGACTATTAG	409
Banteng 2-nt	350:GCTTCGACTCCTACATAATCCACATCAGAAATTAAGCCAGGGGACTACGACTATTAG	409
Banteng 3-nt	350:GCTTCGACTCCTACATAATCCACATCAGAAATTAAGCCAGGGGACTACGACTATTAG	409
Sapi - nt	270:GCTTCGACTCCTACATAATCCACATCAGAAATTAAGCCAGGGGACTACGACTATTAG	329
Sapi Bali	349:CCTTCCATTCAAT--CATATAGCAATTTGCCATGTCCACCTATATCTCTCCAGCAACAG	407
.....		
Banteng 1-nt	410:AGTTCGATAATCGAGTTGTACTGCCAATAGAAATA--ACAAATCCGAAATGCTAGTCTCT	466
Banteng 2-nt	410:AGTTCGATAATCGAGTTGTACTGCCAATAGAAATA--ACAAATCCGAAATGCTAGTCTCT	466
Banteng 3-nt	410:AGTTCGATAATCGAGTTGTACTGCCAATAGAAATA--ACAAATCCGAAATGCTAGTCTCT	466
Sapi - nt	330:AGTTCGATAATCGAGTTGTACTGCCAATAGAAATA--ACAAATCCGAAATGCTAGTCTCT	386
Sapi Bali	408:GCTCCACAATCCACAGGAATCTCTCAGACGTAGCAAAATCCCAATCCACCCCTACT	467
.....		
Banteng 1-nt	467:CTGAGGAGCTACTACA--CTCATGAGCCGTGC--CT--TCTCTAGGACTGA--AAACGAGG	520
Banteng 2-nt	467:CTGAGGAGCTACTACA--CTCATGAGCCGTGC--CT--TCTCTAGGACTGA--AAACGAGG	520
Banteng 3-nt	467:CTGAGGAGCTACTACA--CTCATGAGCCGTGC--CT--TCTCTAGGACTGA--AAACGAGG	520
Sapi - nt	387:CTGAGGAGCTACTACA--CTCATGAGCCGTGC--CT--TCTCTAGGACTGA--AAACGAGG	440
Sapi Bali	468:AT--ACCATTAAAGCAATCTAGGAGCCCTGCTACTAATTTCTAGCCCTAATGCTACTAGT	526
.....		
Banteng 1-nt	521:CAATCCAGGCGCTGAAACCAACAAACCTTATATCGACCCGCTCAGGCCATATACTATG	580
Banteng 2-nt	521:CAATCCAGGCGCTGAAACCAACAAACCTTATATCGACCCGCTCAGGCCATATACTATG	580
Banteng 3-nt	521:CAATCCAGGCGCTGAAACCAACAAACCTTATATCGACCCGCTCAGGCCATATACTATG	580
Sapi - nt	441:CAATCCAGGCGCTGAAACCAACAAACCTTATATCGACCCGCTCAGGCCATATACTATG	500
Sapi Bali	527:CTATTCCACCTGACTCCTCGGAGATCCC--GATACTATAC--CCCGCAATCCACTC	583
.....		
Banteng 1-nt	581:GT	582
Banteng 2-nt	581:GT	582
Banteng 3-nt	581:GT	582
Sapi - nt	501:GT	502
Sapi Bali	584:AA	585
..		

Gambar 5.4. Urutan nukleotida DNA Mitokondria Banteng dibandingkan dengan Sapi Bali

Dari analisis Genetik dan pembuatan pohon filogenetik yang dilakukan dengan menggunakan serangkaian program analisis Genetik yaitu Program Genetic Wins V.8; program ATGC V.9; Program EditView 3.5 NT-V.7; dan Program TreeView V.6



Gambar 2.4. Urutan nukleotida DNA Mitokondria Hantavirus dibandingkan dengan
 Sapi Babi

Dari analisis Genetik dan perbandingan pohon filogenetik yang dilakukan dengan
 menggunakan sekuen analisis Genetik yaitu Program Genetic Wins V.8;
 program ATGC V.9; Program Editview 3.2; NT-NV; dan Program Treeview V.0

maka dapat diketahui hasil analisis multialignment terlihat bahwa DNA mitokondria dari banteng yang ada di TSI II dan Kebun Binatang Surabaya terlihat tidak ada perbedaan satu sama lain. Akan tetapi apabila dibandingkan dengan DNA mitokondria dari sapi Bali terlihat ada perbedaan yang bermakna satu sama lainnya.

Dari analisis hasil tersebut menunjukkan bahwa DNA mitokondria banteng yang diisolasi dari akar rambut tidak berbeda baik yang berada di TSI II maupun yang berada di Kebun Binatang Surabaya.

Pengembangan banteng maupun sapi Bali sebagai ternak saat ini menghadapi masalah serius, yakni rendahnya kualitas keturunan dan tingkat *inbreeding* yang tinggi ditandai munculnya beberapa penyimpangan fenotipe seperti penyimpangan warna bulu dan penurunan berat badan. serta kurangnya stok pejantan unggul untuk kawin dengan betina produktif.

Menurut Widodo dan Hakim (1981) dalam meningkatkan produksi maupun produktivitas ternak melalui perbaikan nilai genetiknya dengan cara sistem perkawinan dengan tujuan meningkatkan homosigositas yaitu melalui *closed breeding* atau sistem perkawinan untuk tujuan meningkatkan heterosigositas salah satunya dengan *grading Up. Inbreeding* dengan cara *closed breeding* bertujuan untuk meningkatkan inbreed line sehingga diperoleh keturunan yang murni. metode yang umum dipakai adalah perkawinan *full-sib*.

Spesies yang mempunyai kekerabatan lebih dekat dengan Banteng adalah sapi Bali dan sapi Madura. Sapi Madura mempunyai ciri fenotip, tahan terhadap cuaca panas, mudah melakukan adaptasi terutama pada lingkungan yang tidak banyak ditumbuhi hijauan sebagai sumber makanannya. Meskipun demikian persentasi karkasnya lebih besar dibanding dengan sapi peranakan lainnya. Sapi Bali merupakan salah satu keturunan banteng di Indonesia. Sama seperti sapi Madura, mempunyai

... maka dapat diketahui hasil analisis multigenetik terlihat bahwa DNA mitokondria ...
... di bandung yang ada di T21 II dan Kebun Binatang Sumedang terlihat tidak ada ...
... perbedaan satu sama lain. Akan tetapi apabila dibandingkan dengan DNA ...
... mitokondria dari sapi Bali terlihat ada perbedaan yang besarnya satu sama lainnya.

Dari analisis hasil tersebut menunjukkan bahwa DNA mitokondria bandung ...
... yang diperoleh dari akan nampak tidak berbeda baik yang berada di T21 II maupun yang ...
... berada di Kebun Binatang Sumedang.

Pengembangan program maupun sapi Bali sebagai ternak saat ini menghadapi ...
... masalah serius yakni rendahnya kualitas keturunannya dan tingkat kesejahteraan yang ...
... tinggi ditandai munculnya beberapa penyimpangan fenotipe seperti penyimpangan ...
... warna bulu dan pertumbuhan cepat badan, serta kurangnya stok pakan unggul untuk ...
... ketahanan dengan betina produktif.

Menurut Widodo dan Hakim (1981) dalam meningkatkan produksi maupun ...
... produktivitas ternak melalui perbaikan nilai genetiknya dengan cara sistem ...
... perkawinan dengan tujuan meningkatkan homozigositas yaitu melalui *closed breeding* ...
... atau sistem perkawinan untuk tujuan meningkatkan heterozigositas salah satunya ...
... dengan *crossing* (perkawinan) dengan cara *closed breeding* bertujuan untuk ...
... meningkatkan *inbreed line* sehingga diperoleh keturunan yang murni metode yang ...
... ini dipikail adalah perkawinan (*crossing*).

Spesies yang mempunyai kekerabatan lebih dekat dengan Bandeng adalah sapi ...
... Bali dan sapi Madura. Sapi Madura mempunyai ciri fenotip, tahun terdahulu secara ...
... umum mudah melakukan adaptasi terutama pada lingkungan yang tidak banyak ...
... ditumbuhi hijauan sebagai sumber makanannya. Meskipun demikian persentase ...
... keragaman lebih besar dibanding dengan sapi peranakan lainnya. Sapi Bali merupakan ...
... salah satu keturunan bandeng di Indonesia. Sama seperti sapi Madura, mempunyai

daya adaptasi yang baik pada lingkungan yang kurang baik bagi pertumbuhannya.
Memiliki kecepatan pertumbuhan dan persentase yang lebih baik dan lebih besar
dibanding dengan sapi peranakan lainnya.

4. Mengingat dengan satu betan akan lainnya.
5. Mengingat kecepatan pertumbuhan dan persentase yang lebih baik dan lebih besar
6. Mengingat variasi yang baik pada lingkungan yang kurang baik bagi pertumbuhannya.

BAB 6

KESIMPULAN DAN SARAN

6.1. Kesimpulan

Dari Hasil analisis PCR maupun phylogenetik DNA mitokondria banteng tidak terdapat perbedaan nyata antara banteng yang berada di TSI II maupun yang berada di Kebun Binatang Surabaya. Akan tetapi bila dibandingkan dengan DNA mitokondria sapi Bali terdapat perbedaan nyata

6.2. Saran

Disarankan untuk melakukan analisis phylogenetik pada sapi madura maupun sapi PO yang berada di Nusa Tenggara Barat untuk menentukan plasma nutfah asli Indonesia

KESIBIHAN DAN SARAN

6. Kesimpulan

Dari hasil analisis PCR maupun phylogenetik DNA mitokondria yang tidak terdapat perbedaan nyata antara bawang yang berada di ISI II maupun yang berada di Kebun Binatang Surabaya. Akan tetapi bila dibandingkan dengan DNA mitokondria sapi (Bali) terdapat perbedaan nyata.

6. Saran

Disarankan untuk melakukan analisis phylogenetik pada sapi maupun kambing yang berada di Nusa Tenggara Barat untuk menentukan plasma unit asli Indonesia.

DAFTAR PUSTAKA

- Albustan, S.A., M.A. Alnaqeed, N.Y. Murad dan Al Awi. 2001. Genetic Variaton of Inbred Laboratory Rats by RAPD-PCR. *Kuwait J.Sci.Eng* 28(2): 391-400
- Anderson, S., De Bruijn, M. H. L., Coulson, A. R., Eperon, I. C., Sanger, F. & Young, I. G. (1982). Complete sequence of bovine mitochondrial DNA: conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J. Mol. Biol.* 156: 683-717.
- Artama, W.T. 1991. *Rekayasa Genetika*. Pusat Pengembangan Pusat Fasilitas Bersama Antar Universitas (Bank Dunia XVII)-PAU Bioteknologi Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta
- Avise, J. C., Pierce, P. C., Van Den Avyle, M. J., Smith, M. H., Nelson, W. S. & Asmussen, M. A. (1997). Cytonuclear intro- gressive swamping and species turnover of bass after an intro- duction. *J. Hered.* 88: 14-20.
- Boyd, L. & Houpt, K. A. (1994). *Przewalski's horse: the history and biology of an endangered species*. Albany, NY: SUNY Press.
- Boyd, M. M. (1914). Crossing bison and cattle. *J. Hered.* 5:189-197.
- Carr, S. M., Ballinger, S. W., Derr, J. N., Blankenship, L. H. & Bickham, J. W. 1986. Mitochondrial DNA analysis of hybridization between sympatric white-tailed deer and mule deer in west Texas. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 83: 9576-9580.
- Derr, J. N., Davis, S. K., Wooley, J. B. & Wharton, R. A. (1992). Variation and the phylogenetic utility of the large ribosomal sub- unit of mitochondrial DNA from the insect order Hymenoptera. *Mol. Phyl. Evol.* 1: 136-147.
- Don, R. H., Cox, P. T., Wainwright, B. J., Baker, K. & Mattick, J. S. (1991). 'Touchdown' PCR to circumvent spurious priming during gene amplification. *Nucl. Acid Res.* 19: 4008.
- Goldman, N. (1993). Statistical tests of models of DNA substitu- tion. *J. Mol. Evol.* 36: 182-198.
- Goodnight, C. (1914). My experience with bison hybrids. *J.Hered.* 5: 197-199.
- Heinen, J. T. & Srikosamatara, S. (1996). Status and protection of Asian wild cattle and buffalo. *Conserv. Biol.* 10: 931-935.
- Higgins, D. G. & Sharp, P. M. (1989). Fast and sensitive multi- ple sequence alignments on a microcomputer. *CABIOS* 5:151-153.
- Hill, K. D. (1993). The endangered species act: what do we mean by species? *Environ. Affairs* 20: 239-264.
- Hillis, D. M. & Huelsenbeck, J. P. (1994). Support for dental HIV transmission. *Nature, Lond.* 369: 24-25.
- Huelsenbeck, J. P., Hillis, D. M. & Jones, R. (1996). Parametric bootstrapping in molecular phylogenetics: applications and per- formance. In *Molecular zoology: advances, strategies, and pro- tocols*: 19-45. Ferraris, J. D. & Palumbi, S. R. (Ed). New York: Wiley-Liss.
- Janecek, L. L., Honeycutt, R. L. Adkins, R. M. & Davis, S. K. (1996). Mitochondrial gene sequences and the molecular sys- tematics of the artiodactyl subfamily Bovinae. *Mol. Phyl. Evol.*6: 107-119.
- Jones, C. J. (1907). Breeding cattelo. *Annu. Rep. Am. Breeders' Assoc.* 3: 161-165.
- Karl, S. A., Bowen, B. W. & Avise, J. C. (1995). Hybridization among the ancient mariners: characterization of marine turtle hybrids with molecular genetic assays. *J. Hered.* 86: 262-268. Kumar, S., Tamura, K. & Nei, M. (1993). *MEGA: molecular evolution*

DAFTAR PUSTAKA

Abusaban, S.A., M.A., Al-Jabery, N.Y., Murad dan Al-Awli. 2001. Genetic Variation of Inbred Laboratory Rats by RAPD-PCR. *Kuwait J.Sci.Jour* 28(2): 391-400

Adams, S.M., Burt, M.L., Johnson, A.R., Johnson, J.C., Sauer, H. & Young, L.G. (1982). Genetic structure of the mitochondrial DNA of conspecific strains of the mammalian mitoch. *Journal of Genetic* 11: 15-20

Amara, W. (1991). *Behavioral Ecology: An Evolutionary Approach*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey. 719 pp.

Archer, J.C., Pierce, P.C., Van Der Aalst, L.L., Smith, M.H., Nelson, W.E. & Wasser, M.A. (1994). Cytoskeletal protein-coding sequences and species turnover of bats in an intra-specific. *Journal of Mammalogy* 75: 14-20

Archer, J.C. & Hooper, K.A. (1994). *Behavioral Ecology: The history and biology of an endangered species*. Albany, NY: SUNY Press.

Archer, J.C. (1994). Crossing pison and cattle. *A. Hered.* 2: 189-197.

Archer, J.C., Bellinger, S.W., Bell, J.L., Baird, R.H. & Johnson, J. W. (1986). Mitochondrial DNA analysis of hybridization between sympatric white-tailed deer and mule deer in west Texas. *Journal of Mammalogy* 67: 624-628

Archer, J.C., Baird, R.H., Wood, J.R., Johnson, R.A. (1992). Hybridization and the phylogenetic utility of the large ribosomal subunit of mitochondrial DNA from the genus *Peromyscus*. *Journal of Mammalogy* 73: 136-141

Archer, J.C., Baird, R.H., Johnson, R.A., Baker, R. & M. (1991). A mitochondrial DNA RFLP polymorphism in a prairie dog population. *Journal of Mammalogy* 72: 400-402

Archer, J.C. (1993). Statistical tests of models of DNA substitution. *Journal of Molecular Evolution* 36: 122-128

Archer, J.C. (1994). My experience with lion hybrids. *Journal of Mammalogy* 75: 197-199

Archer, J.C. & Johnson, S. (1990). Status and protection of Asian wild cattle and buffalo. *Conservation Biology* 10: 931-932

Archer, J.C. & Smith, P.M. (1989). Fast and sensitive multi-PCR amplification of a mitochondrial DNA. *Journal of Mammalogy* 70: 121-122

Archer, J.C. (1993). The endangered species act: what do we mean by species? *Conservation Biology* 7: 259-261

Archer, J.C. & Johnson, S. (1994). Support for dental HIV transmission. *Journal of Mammalogy* 75: 24-25

Archer, J.C., Hillis, D.M. & Johnson, S. (1989). Taxonomic bearing in molecular phylogenetic applications and per-formation. In *Molecular Systematics and Evolution*, ed. by M. Nei & R. M. M. Johnson, pp. 19-42. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA. 417-422

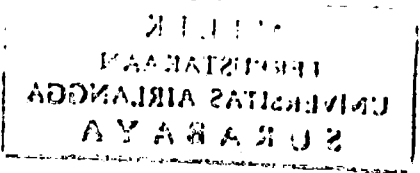
Archer, J.C., Johnson, R.A., Johnson, M. & Cases, S. (1990). Mitochondrial gene sequences and the molecular systematics of the mammalian subfamily Bovidae. *Journal of Mammalogy* 71: 107-119

Archer, J.C. (1997). Breeding cattle. *Journal of Mammalogy* 78: 161-162

Archer, J.C., Johnson, R.H., & Johnson, S. (1992). Hybridization among the species of the genus *Peromyscus* and the molecular systematics of the genus. *Journal of Mammalogy* 73: 100-101

Suryo, 1995. Sitogenetika. Cetakan I. Gajah Mada University Press. Yogyakarta

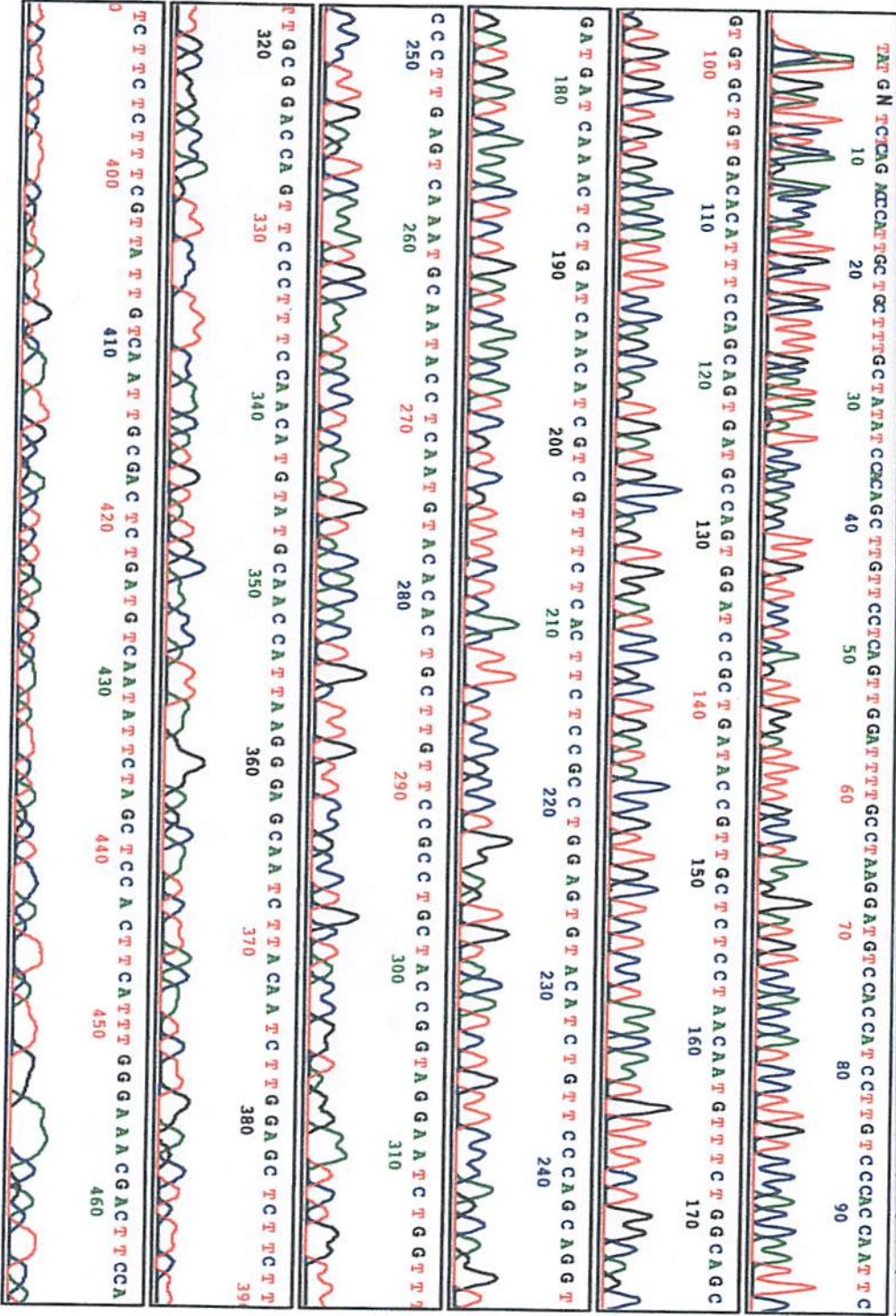
Widodo, W. dan L. Hakim. 1981. Pemuliaan Ternak. Lembaga Penerbitan Universitas
Brawijaya Malang

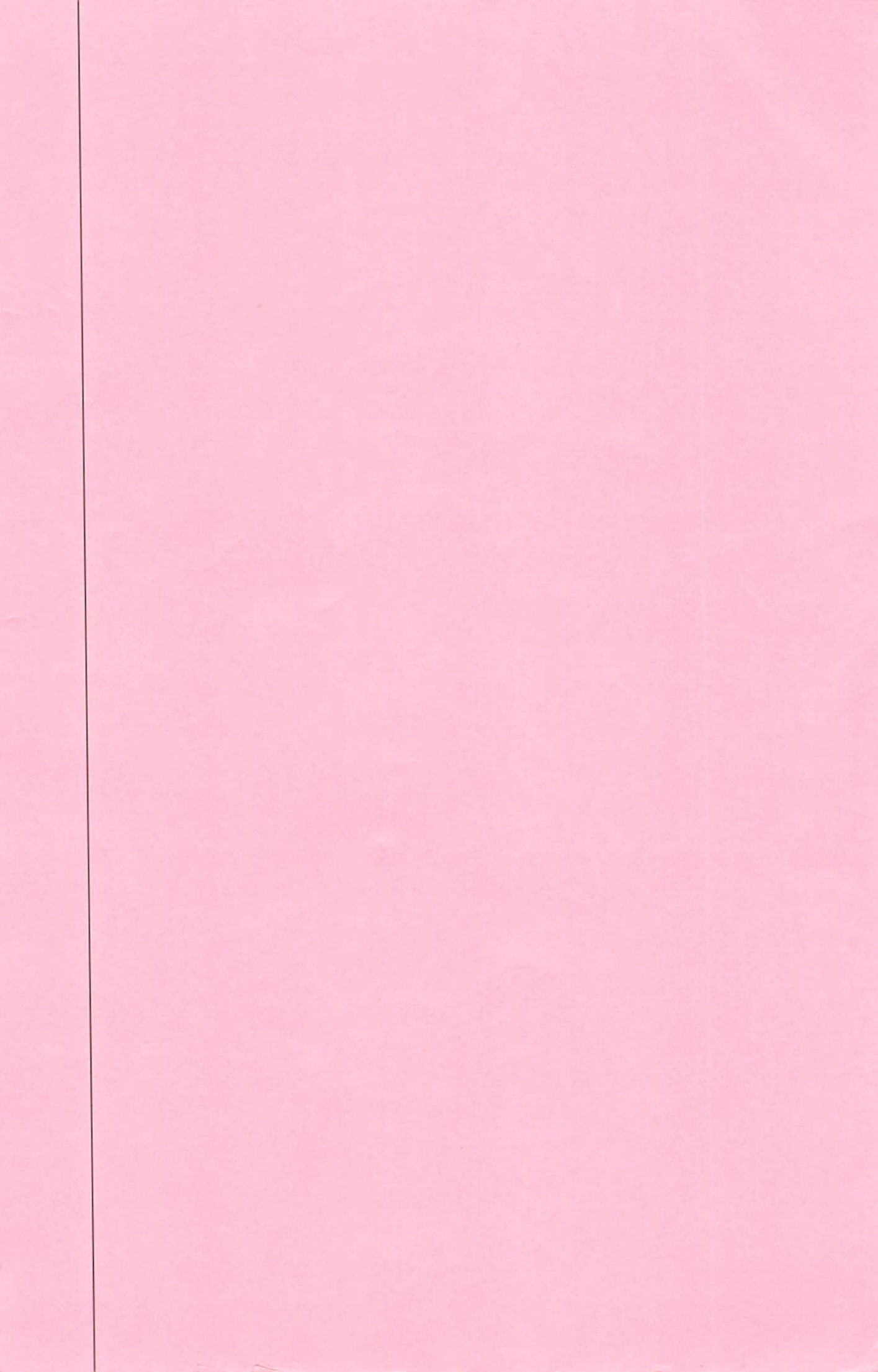


nyo. 1995. Sitogenetika. Cetakan I. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta

7. Idris, W. dan L. Hakim. 1981. Penelitian Tama. Lembaga Penelitian Universitas
Brawijaya Malang

Lampiran 1. Hasil Sequencing DNA Mitokondria Banteng





Vertical text on the left edge, possibly a page number or reference mark.
