



PIDATO PENGUKUHAN

**PERANAN BIOKIMIA MOLEKULER
DALAM PELESTARIAN SAPI LOKAL
UNTUK PENINGKATAN KESEJAHTERAAN
PETERNAK INDONESIA**

Prof. Dr. Eduardus Bimo Aksono Herupradoto, drh., M.Kes.



UNIVERSITAS AIRLANGGA
Excellence with Morality



Disampaikan pada
Pengukuhan Jabatan Guru Besar
dalam Bidang Ilmu Biokimia Molekuler
pada Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga di Surabaya
pada Hari Rabu, Tanggal 25 Oktober 2023

**PERANAN BIOKIMIA MOLEKULER
DALAM PELESTARIAN SAPI LOKAL
UNTUK KESEJAHTERAAN PETERNAK DI INDONESIA**



Disampaikan pada Pengukuhan Jabatan Guru Besar
dalam Bidang Ilmu Biokimia Molekuler
pada Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga
di Surabaya pada Hari Rabu, Tanggal 25 Oktober 2023

Oleh

EDUARDUS BIMO AKSONO HERUPRADOTO



Assalamu'alaikum warahmatulahi wabarakatuh,
 Selamat pagi,
 Salam sejahtera bagi kita semua,
 Shalom,
 Om Swastiastu,
 Namo Buddhaya,
 Salam kebajikan.

Yang Terhormat,

Ketua dan Anggota Majelis Wali Amanat Universitas Airlangga,
 Rektor Universitas Airlangga,
 Ketua dan Anggota Senat Akademik Universitas Airlangga,
 Para Wakil Rektor Universitas Airlangga
 Sekretaris Universitas Airlangga,
 Para Dekan dan Wakil Dekan Fakultas di Lingkungan Universitas
 Airlangga,
 Para Direktur dan Wakil Direktur Sekolah di Lingkungan
 Universitas Airlangga
 Para Direktur Direktorat di Lingkungan Universitas Airlangga
 Para Ketua dan Sekretaris Badan, Lembaga dan Pusat di
 Lingkungan Universitas Airlangga,
 Para Guru Besar Universitas Airlangga dan Guru Besar Tamu,
 Guru, Teman Sejawat, Dosen dan segenap Civitas Akademika
 Universitas Airlangga,
 Keluarga, para Undangan dan Hadirin yang saya hormati.

Puji syukur kepada Tuhan YME yang sudah menetapkan hari bahagia ini. Saya mengucapkan terima kasih atas kehadiran Bapak dan Ibu sekalian pada acara Sidang Universitas Airlangga. Perkenankan saya menyampaikan pidato pengukuhan sebagai Guru Besar dalam bidang Biokimia Molekuler, Fakultas Kedokteran Hewan, Universitas Airlangga, Surabaya, Indonesia

yang berjudul: **PERANAN BIOKIMIA MOLEKULER DALAM PELESTARIAN SAPI LOKAL UNTUK KESEJAHTERAAN PETERNAK DI INDONESIA**

Hadirin yang saya hormati,

Sekitar 120 juta penduduk Indonesia, atau kurang lebih 11% dari total penduduk, hidup dengan pendapatan kurang dari USD2 per hari, dan kurang lebih 40% penduduk Indonesia lainnya rentan jatuh ke dalam kemiskinan karena pendapatan mereka sedikit di atas garis kemiskinan nasional. Sektor pertanian mempekerjakan dua pertiga penduduk miskin di Indonesia akan tetapi merupakan komponen yang sangat penting dalam perekonomian Indonesia (Widyas *et al.*, 2022). Salah satu komoditas sektor pertanian yang cukup strategis adalah komoditas peternakan. Sapi merupakan komoditas peternakan yang sangat penting, karena sebagai sumber susu (sapi perah), daging dan kulit (sapi potong), serta hewan penarik. Sebagian besar kebutuhan dunia akan daging dipenuhi oleh sapi (50%), kulit (85%) dan susu (95%) (Sutarno dan Setyawan, 2015a). Walaupun demikian peternakan dalam negeri hanya mampu memenuhi sekitar 75% dan 20% dari keseluruhan kebutuhan sapi potong dan sapi perah, sehingga Indonesia masih menjadi jaringan importir kedua komoditas tersebut. Dari tahun ke tahun ketergantungan terhadap impor semakin meningkat dan tanpa terobosan berarti, diperkirakan permintaan daging sapi di Indonesia semakin meningkat seiring adanya pertambahan jumlah penduduk, peningkatan taraf hidup, perubahan pola konsumsi, serta adanya ekspatriat dan wisatawan asing yang menginginkan sapi potong dengan kualitas tertentu (Sutarno and Setyawan, 2015a). Namun, kenyataannya permintaan tersebut melebihi pasokan, dimana rasio swasembada di tingkat nasional berkisar sekitar 65% dalam 10 tahun terakhir. Artinya, 30-40%

kebutuhan daging sapi masih dipenuhi dari impor, terutama sapi hidup dan daging beku dari luar negeri (Rohaeni *et al.*, 2019). Sekitar 6,5 juta peternak kecil yang tinggal di daerah pedesaan di seluruh Indonesia memproduksi kurang lebih 90% daging sapi yang diproduksi di Indonesia, sedangkan kurang lebih 10% sisanya dari produksi daging sapi dihasilkan oleh sejumlah kecil peternak komersial dan perusahaan sapi potong besar yang terkonsentrasi terutama di Jawa (Widyas *et al.*, 2022). Bahkan dalam tiga tahun terakhir (2013-2015), menjelang dan sesudah Idul Fitri selalu terjadi gejolak di pasar dalam negeri terkait melonjaknya harga sapi potong akibat kurangnya pasokan. Permintaan terhadap sapi potong meningkat karena Pemerintah telah mengambil kebijakan jangka panjang untuk mencapai swasembada sapi potong yang berbasis sumber daya dalam negeri. Namun upaya kebijakan tersebut meskipun mengalami kegagalan akan tetapi sempat diluncurkan tiga kali, yaitu pada tahun 2000, 2010, dan 2014. Alasan utama penyebab kegagalan ini antara lain rendahnya kualitas bibit, terbatasnya padang rumput dan terbatasnya pakan ternak (Sutarno and Setyawan, 2015a).

Dalam dunia usaha ternak tidak bisa terlepas dari pembibitan, pakan dan manajemen. Salah satu faktor yang menentukan dalam upaya pengembangan sapi adalah pembibitan. Pembibitan merupakan kegiatan budidaya yang menghasilkan bibit ternak untuk keperluan sendiri atau diperjualbelikan. Secara umum faktor buruknya kualitas genetik sapi, kurangnya sapi jantan unggul, kurangnya kemampuan peternak dalam beternak sapi, dan cara beternak yang masih tradisional merupakan kelemahan pengembangan sapi di Indonesia (Sutarno and Setyawan, 2015a). Di samping itu maraknya perkawinan silang yang tidak terkendali khususnya penggunaan metode inseminasi buatan serta adanya tekanan dari sapi lokal lain yang lebih unggul merupakan tantangan pengembangan sapi lokal di Indonesia. Sebagai contoh

pengembangan sapi Pesisir Sumatera Barat ditekan oleh sapi Bali yang unggul. Menurut Sutarno and Setyawan (2015a) yang mengutip dari FAO (2000) telah memperingatkan di negara berkembang memiliki resiko kepunahan ternak karena permintaan pasar yang tinggi, perkawinan silang, penggantian bibit dan berkurangnya mekanisasi kegiatan peternakan akibat menurunnya penggunaan sapi sebagai hewan penarik. Oleh karena itu perbaikan genetik dari populasi sapi yang ada akan menjadi peluang yang sangat layak jika dapat dikembangkan dan diterapkan cara memilih yang efektif untuk mendapatkan sapi indukan yang unggul secara genetik (Widyas *et al.*, 2022).

Hadirin yang saya muliakan,

Biokimia molekuler merupakan salah satu subdisiplin ilmu biokimia yang merupakan salah satu cabang ilmu kimia. Biokimia molekuler melibatkan penyelidikan proses kimia yang terjadi dalam organisme hidup pada tingkat molekuler. Bidang biokimia molekuler yang sedang berkembang adalah genomik, yaitu kombinasi biokimia molekuler dengan bioinformatika.

Faktor demografi, lingkungan, dan genetik stokastik serta deterministik yang tumpang tindih berkontribusi terhadap kelangsungan hidup populasi atau spesies. Salah satu aspek penting yang harus dipertimbangkan dalam pelestarian adalah mempertahankan tingkat keragaman genetik yang memadai di dalam dan di antara populasi. Namun dalam beberapa kasus mungkin sia-sia untuk memikirkan tujuan jangka panjang ketika habitat sedemikian rupa dirusak dengan cepat sehingga kelangsungan hidup populasi dalam jangka pendek pun tidak dapat tercapai. Dalam situasi ekstrem seperti ini, pengelolaan keanekaragaman genetik tingkat tinggi mungkin tidak lagi menjadi perhatian utama. Namun *genetic tools* dapat bermanfaat

sebagai sarana untuk merencanakan keanekaragaman genetik jangka panjang dan untuk memperjelas masalah demografi dan ekologi pada tahap awal pemulihan spesies. Sebagai contoh, klarifikasi taksonomi dapat menyebabkan perhatian yang lebih besar atau lebih kecil terhadap takson tertentu, sehingga ada upaya ulang untuk menetapkan prioritas pelestarian takson tertentu. Demikian juga mendefinisikan tingkat hibridisasi dan upaya memahami tingkat diferensiasi di dalam dan di antara populasi dapat membantu upaya memfokuskan pada populasi tertentu yang membutuhkan pemulihan (Haigh, 1998).

Di sisi lain dalam pengembangan bisnis berbasis bangsa ternak dan pelestarian sangat membutuhkan informasi keragaman genetik. Oleh karena itu, diharapkan melalui pengetahuan biokimia molekuler pada sapi lokal terdapat peluang yang sangat besar untuk memperkuat sektor daging sapi di Indonesia, meningkatkan produktivitas dan profitabilitas peternak sapi skala kecil, serta meningkatkan penghidupan masyarakat miskin pedesaan termasuk kesejahteraan peternak lokal di Indonesia. Perkembangan teknologi pada DNA memungkinkan untuk mendukung program tersebut. Mikrosatelit adalah bagian dari DNA yang sangat ideal untuk dianalisis karena jumlahnya berlimpah, polimorfisme yang tinggi, tersebar luas di seluruh bagian pada genom. Mikrosatelit juga bisa digunakan untuk mengestimasi jarak genetik, hubungan antara setiap bangsa, test parental, dan keragaman genetik.

Hadirin yang saya hormati,

U.S. Endangered Species Act (seperti: IUCN) telah mengidentifikasi dan melindungi spesies, subspecies, dan populasi yang terancam punah. Walaupun penunjukan ini mungkin kontroversial dari sudut pandang evolusi, namun hal ini dapat “membuat” pemulihan spesies atau kelompok tertentu karena

sumber daya yang dialokasikan untuk pemulihan mereka sering kali diprioritaskan berdasarkan status taksonomi mereka. Sebaliknya, pengakuan bahwa suatu spesies, subspecies, atau populasi tidak berbeda dari taksa yang tidak terancam punah dan berkerabat dekat, dapat membebaskan sumber daya yang seharusnya bisa digunakan untuk kebutuhan yang lebih penting. Dengan kemajuan baru dalam teknik molekuler, penilaian ini sekarang cukup mudah dan murah dan seringkali merupakan satu-satunya cara untuk menyelesaikan masalah taksonomi (Haigh, 1998).

Menurut Haigh (1998) yang mengutip dari *Bowell et al.* (1991) salah satu contohnya adalah penentuan status spesies untuk penyu *Kemp's Ridley* (*Lepidochelys kempi*) dan penyu *olive Ridley* (*L. olivacea*) yang terancam punah. Sebelum analisis DNA mitokondria (mtDNA) dilakukan, maka hipotesis yang diajukan adalah menggabungkan keduanya sebagai satu spesies, atau membaginya menjadi dua spesies, atau menjadikan *Kemp's Ridley* sebagai subspecies dari *olive Ridley*, atau mengklasifikasikan *Kemp's Ridley* sebagai hibrida antara penyu tempayan (*Caretta caretta*) dan penyu sisik (*Eretmochelys imbricate*) atau penyu hijau (*Chelonia mydas*). Analisis mtDNA menunjukkan bahwa kedua bentuk penyu tersebut berbeda dari populasi penyu lainnya dan pemisahan mtDNA cukup besar sehingga kedua bentuk tersebut dapat dipertimbangkan untuk dilindungi secara terpisah berdasarkan *U.S. Endangered Species Act*.

Demikian pula, resolusi status spesies dari *Hawaiian Honeycreepers* telah membantu memperjelas dan memusatkan upaya pelestarian. Studi hibridisasi DNA telah menyimpulkan nenek moyang burung pengicau pertama yang menghuni kepulauan Hawaii. Analisis mtDNA terhadap empat anggota "*Amakihi Complex*" (subspecies dari *Hemignathus virens*) kemudian dibandingkan dengan dua *outgroup* menunjukkan bahwa status spesies secara lengkap harus diberikan kepada *Hemignathus*

virens chloris dan *Hemignathus virens stejnegeri* (Haigh, 1998 mengutip dari Tarr dan Fleischer 1993). Pemisahan ini membantu memberikan kepercayaan yang lebih besar terhadap upaya pelestarian yang dilakukan saat ini untuk taksa tersebut (Haigh, 1998 mengutip dari Sibley dan Ahlquist, 1982).

Analisis filogenetik sangat membantu dalam memahami hubungan antar spesies atau perbandingan pada tingkat yang lebih tinggi, hasilnya biasanya tidak banyak diketahui. Namun, menurut Haigh (1998) mengutip Krajewski (1994) mengusulkan untuk membandingkan tingkat keanekaragaman hayati di antara kelompok yang berbeda dengan menggunakan ukuran filogenetik serta memberi bobot pada spesies berdasarkan kontribusinya terhadap keanekaragaman genetik secara keseluruhan. Misalnya, dengan menggunakan hasil hibridisasi DNA untuk spesies burung bangau dalam famili Gruidae, ditetapkan bahwa penyumbang utama terbesar terhadap keanekaragaman famili adalah Burung Bangau Mahkota (*Balearica pavonina*) dan penyumbang terkecil adalah Burung Bangau Biasa (*Grus grus*). Hal ini dapat disimpulkan bahwa bobot ini harus diperhitungkan ketika spesies diprioritaskan untuk upaya pelestarian.

Hadirin yang saya muliakan,

Implikasi terhadap pelestarian, politik, dan ekonomi yang serius dapat terjadi baik berdampak positif (misalnya peningkatan keragaman genetik, kesesuaian, dan kemampuan beradaptasi) serta dampak negatif (misalnya hilangnya keanekaragaman genetik, asimilasi genetik, depresi perkawinan sedarah) diakibatkan oleh hibridisasi introgresif di antara taksa yang berkerabat dekat. Dimana dampak tersebut dapat mempengaruhi kelangsungan hidup populasi. Namun, pengembangan biokimia molekuler yang baru dapat memberikan penilaian yang semakin akurat mengenai

hubungan taksonomi dan sejarah aliran gen. Terkait hal tersebut yang terpenting adalah isu hibridisasi dalam ikan salmon. Dimana Haigh (1998) mengutip dari berbagai sumber bahwa pada spesies ini, terdapat hibridisasi ekstensif antara spesies, subspecies, serta ras asli dan non-asli yang berkerabat dekat. Ada juga masalah terkait pengelolaan stok penangkaran yang digunakan untuk meningkatkan populasi liar. Tujuan pelestarian adalah memilah percampuran genetik ini untuk mempertahankan kekhasan spesies sekaligus menjamin kelangsungan populasi di masa depan. Pengelolaan populasi salmon juga mempengaruhi populasi manusia. Misalnya, perekonomian nelayan lokal dan nelayan asli bergantung pada spesies ini, sementara industri seperti perusahaan listrik dan kayu merasakan dampak dari kebijakan pelestarian. Salah satu spesies yang menjadi pusat perdebatan adalah ikan *cutthroat trout* (*Salmo clark*). Data allozyme dan mtDNA menunjukkan bahwa hibridisasi antara spesies asli *cutthroat trout* dan spesies non-asli merupakan salah satu faktor paling penting yang berkontribusi terhadap hilangnya populasi *cutthroat trout*. Populasi turunan asli yang tersisa terisolasi satu sama lain, sehingga meningkatkan risiko kepunahan. Upaya pelestarian saat ini berfokus pada menghilangkan sejumlah populasi introgres sehingga populasi asli dapat kawin silang dan sejahtera (Haigh, 1998 mengutip dari berbagai sumber).

Hadirin yang berbahagia,

Di Amerika Utara, isu penting terkait hibridisasi pada bangsa serigala menimbulkan perdebatan selama bertahun-tahun mengenai status serigala merah (*Canis rufus*). Permasalahannya adalah apakah serigala merah merupakan spesies tersendiri atau merupakan hasil hibridisasi antara serigala abu-abu (*C. lupus*) dan anjing hutan (*C. latrans*). Serigala merah punah di alam liar pada

tahun 1975 dan sejak itu upaya konservasi telah dilakukan secara besar-besaran untuk memulihkan populasi liar. Data mtDNA dan mikrosatelit menunjukkan bahwa serigala merah adalah hasil hibridisasi ekstensif antara coyote dan serigala abu-abu. Situasi serupa juga terjadi pada simien jackal (*C. simensis*), bangsa serigala yang terancam punah di dunia. Penanda molekuler seperti mtDNA dan mikrosatelit juga digunakan untuk menentukan bahwa serigala Ethiopia ini adalah spesies yang berbeda tetapi hibridisasi terjadi dengan anjing peliharaan (Haigh, 1998 mengutip dari berbagai sumber).

Kasus macan kumbang Florida (*Felis concolor*) adalah contoh yang tidak biasa di mana teknik molekuler telah membantu menunjukkan bahwa potensi hibridisasi dapat mengakibatkan peningkatan kelangsungan hidup populasi. Analisis molekuler (allozyme, mtDNA dan minisatelit) menunjukkan bahwa macan kumbang Florida memiliki variabilitas genetik yang lebih rendah dibandingkan puma lainnya (Haigh, 1998 mengutip dari Roelke *et al.* 1993) dan memberikan dampak negatif yang parah akibat perkawinan sedarah (Haigh, 1998 mengutip dari O'Brien, 1994). Hal ini mengakibatkan cacat bentuk sperma (95%) dan peningkatan tajam kejadian kriptorkismus, suatu kelainan bawaan yang menyebabkan testis tidak turun pada jantan (Haigh, 1998 mengutip dari Barone *et al.*, 1994). Oleh karena kumpulan gen saat ini jelas sudah tidak ada lagi, rencana sedang dilakukan untuk memperkenalkan subspecies Texas, *Felis concolor. stanleyana*, ke Florida dengan harapan bahwa hibrida dapat bertahan. Subspesies ini kemungkinan besar kawin dengan macan kumbang Florida pada abad ke-19 (Haigh, 1998 mengutip dari O'Brien, 1994). Meskipun kontroversial, rencana ini tidak hanya akan meningkatkan kumpulan gen tetapi juga akan berkontribusi pada perbaikan struktur demografi populasi dengan meningkatkan reproduksi.

Hadirin yang saya muliakan,

Menurut Haigh (1998) mengutip dari Rieseberg (1991), Di luar vertebrata, hibridisasi jarang diidentifikasi sebagai isu pelestarian. Kemungkinan besar akan ada lebih banyak contoh yang muncul seiring dengan semakin meluasnya penggunaan teknik molekuler dan semakin seriusnya kajian pelestarian terhadap taksa lain. Pada tumbuhan, ada beberapa contoh dimana analisis genetik telah dilakukan untuk menyelesaikan permasalahan pelestarian. Misalnya, masuknya hewan herbivora domestik ke Pulau Santa Catalina, California, menyebabkan penurunan signifikan pada mahoni Catalina (*Cercocarpus traskiae*), pohon paling langka di California. Populasinya telah menurun dari 40 menjadi <7 individu, kini juga terancam oleh asimilasi genetik melalui hibridisasi dengan spesies yang lebih umum: *C. betuloides* Nutt. Demikian juga dari karakterisasi allozyme menunjukkan rendahnya keragaman genetik pada *C. traskiae* dan hibridisasi yang ekstensif (Haigh, 1998 mengutip dari Rieseberg *et al.*, 1989). Upaya pelestarian saat ini meliputi pemusnahan hibrida, penanaman *C. traskiae* murni di beberapa lokasi, dan pemusnahan herbivora non-asli (Haigh, 1998).

Demikian juga sebuah studi yang lebih komprehensif secara genetis tentang semak mallow di Pulau Santa Cruz yang terancam punah dan endemik (*Malacothamnus fasciculatus* (Nutt.) Greene var. *nesioticus*) menggunakan allozyme, RAPD, dan rDNA untuk mengevaluasi status relatifnya terhadap varietas lain dalam spesies (Haigh, 1998 mengutip dari Swensen *et al.*, 1995). Kedua populasi tersebut memiliki RAPD dan alel allozyme yang unik, sehingga membedakannya dari varietas lainnya. Lebih lanjut, satu-satunya keragaman genetik dalam kedua populasi dideteksi melalui analisis rDNA. Berdasarkan rendahnya keragaman genetik dan ancaman ekologis terhadap terbatasnya habitat mereka, kini ada rencana untuk melindungi varietas tersebut dengan memagari

individu-individu dan menerapkan pemusnahan terkendali untuk memungkinkan perkecambahan dari stok akar semak mallow (Haigh, 1998).

DNA minisatelit, RAPD dan allozyme juga telah digunakan untuk mengevaluasi translokasi untuk pelatuk merah (*Picoides borealis*) yang terancam punah, spesies yang menderita akibat fragmentasi habitat pinus tua di Amerika Serikat bagian tenggara. Minisatelit digunakan untuk mengidentifikasi struktur populasi pada populasi kecil di Carolina Selatan yang memerlukan translokasi sehingga analisis kelayakan populasi selanjutnya dapat memperkirakan jumlah individu yang diperlukan untuk mempertahankan populasi yang stabil (Haigh, 1998). Pemilihan populasi donor potensial dilakukan dengan menggunakan RAPD dan allozyme. Hasil dari kedua teknik tersebut, yaitu pengambilan sampel pada populasi serupa di seluruh rentang spesies, dan hasilnya tidak ditemukan adanya perbedaan yang signifikan di antara populasi lokal (Haigh, 1998 mengutip dari Stangel *et al.*, 1992). Namun, diferensiasi populasi yang signifikan terlihat jelas ketika populasi yang jauh dibandingkan. Oleh karena itu, direkomendasikan agar burung pelatuk merah dapat dipindahkan ke populasi lokal jika populasi donor dapat bertahan dari kehilangan dan kondisi habitat antara kedua populasi tersebut serupa. Perpindahan antar wilayah tidak dianjurkan karena perbedaan genetik yang lebih besar di antara populasi yang berjauhan (Haigh, 1998).

Definisi struktur populasi di masa depan jelas terletak pada pengembangan lebih lanjut terkait penggunaan penanda mikrosatelit (Haigh, 1998 mengutip dari Parker *et al.*, 1998). Salah satu studi mikrosatelit pertama untuk mengatasi perbedaan antarpopulasi dilakukan pada beruang hitam (*Ursus americanus*) di tiga taman nasional di Kanada (Haigh, 1998 mengutip dari Paetkau dan Strobek. 1994). Meskipun penelitian allozyme pada

beruang hitam menyimpulkan terdapat keragaman genetik yang rendah dan ukuran populasi yang efektif (Haigh, 1998 mengutip dari Wathen *et al.*, 1985), dua dari tiga populasi yang diambil sampelnya untuk pemeriksaan mikrosatelit memiliki nilai heterozigositas yang besarnya lebih tinggi daripada nilai tertinggi yang dilaporkan dari kerja allozyme beruang hitam. Pendekatan serupa digunakan untuk studi populasi beruang kutub (*U. maritimus*). Penggunaan mikrosatelit menunjukkan diferensiasi antar populasi serta populasi dengan aliran gen terbatas (Haigh, 1998 mengutip dari Paetkau *et al.*, 1995). Dalam kedua kasus tersebut, peningkatan variabel jumlah lokus yang ditemukan dimikrosatelit sangat membantu meningkatkan detail deskripsi populasi dan perbedaannya, sehingga memberikan resolusi yang lebih baik untuk mengidentifikasi populasi yang terbatas secara genetik (Haigh, 1998).

Hadirin yang saya hormati,

Salah satu kontribusi yang dapat diberikan oleh biokimia molekuler dalam upaya pelestarian adalah potensi untuk mengidentifikasi penanda spesifik populasi atau ras. Meskipun penanda ini tidak memberikan informasi secara langsung mengenai status atau kelangsungan hidup populasi, akan tetapi penanda ini mampu untuk melacak pergerakan gen atau individu dalam jarak geografis yang jauh dan sepanjang siklus tahunan sebagai upaya memahami pola migrasi dan kebutuhan habitat, pola penyebaran, struktur metapopulasi, dan masalah peraturan seperti pemanenan ilegal. Beberapa contoh terbaik hingga saat ini adalah spesies laut yang data pola migrasi tahunannya memungkinkan penerapan langkah-langkah perlindungan habitat yang lebih komprehensif (Haigh, 1998).

Paus bungkuk (*Megaptera novaeangliae*) tersebar di seluruh dunia tetapi populasinya menurun drastis karena penangkapan yang berlebihan. Setiap tahunnya, individu dari enam subpopulasi atau kelompok paus tersebut bermigrasi sepanjang 10.000 km pulang pergi dari daerah mencari makan di musim panas di lintang tinggi ke tempat berkembang biak dan melahirkan anak di musim dingin di perairan lintang rendah (Haigh, 1998 mengutip dari Baker *et al.*, 1994 serta Baker dan Palumbi, 1995). Variasi tipe restriksi mtDNA di antara sub-populasi ini digunakan untuk mengidentifikasi sub-populasi yang berbeda, pergerakan migrasi, dan percampuran sub-populasi yang berbeda secara genetik di wilayah makan (Haigh, 1998 mengutip dari Baker *et al.*, 1990). Potensi percampuran sub-populasi ini berkontribusi pada pemahaman kita tentang aliran gen dan ukuran populasi efektif untuk spesies tersebut, serta strategi konservasi habitat (Haigh, 1998).

Penyu hijau adalah spesies laut terancam punah lainnya yang pergerakannya tidak diketahui hingga penanda molekuler memberikan petunjuk mengenai struktur populasi dan penyebarannya (Haigh, 1998 mengutip dari Bowen dan Avise, 1995). Rentang hidup mereka yang panjang, masa kematangan seksual yang lama, jarak migrasi yang jauh, dan sulitnya memantau individu membuat para ahli biologi kebingungan mengenai struktur dan status populasi. Selain itu, penyu hijau, seperti penyu lainnya, menggunakan pantai untuk bersarang yang seringkali berjarak ribuan kilometer dari daerah mencari makan, sehingga sulit untuk menentukan distribusi perkembangbiakan mereka. Genotipe mtDNA baru-baru ini terbukti bersifat spesifik pada populasi ketika populasi ditentukan berdasarkan pantai penangkarnya (Haigh, 1998 mengutip dari Norman *et al.*, 1994). Penanda ini tidak spesifik untuk setiap individu, namun cukup spesifik untuk populasi kelahiran sehingga dapat memberikan pemahaman

tentang asal usul genetik individu di tempat mencari makan pada musim non-kawin (Haigh, 1998).

Burung yang bermigrasi menimbulkan masalah serupa dengan spesies hewan laut dalam hal pemahaman pergerakan tahunan dan percampuran populasi. Sebagian besar upaya pelestarian burung berfokus pada perlindungan tempat berkembang biak, namun kesadaran bahwa burung mungkin menghabiskan hingga 80% waktunya di tempat migrasi dan saat musim dingin telah membangkitkan minat baru untuk mengidentifikasi dan melindungi daerah non-perkembangbiakan. Bagi spesies yang terancam punah, maka identifikasi lokasi musim dingin tertentu untuk populasi perkembangbiakan tertentu dapat lebih memfokuskan upaya pelestarian bagi populasi perkembangbiakan tertentu. Misalnya, pemantauan pergerakan *peregrine falcon* (*Falco peregrinus*) yang terancam punah sangat penting dalam perencanaan upaya pelestarian. Penurunan jumlah spesies ini sebagian besar disebabkan oleh paparan DDT (*dichlorodiphenyltrichloroethane*) dan bahan kimia berbahaya lainnya. Pemahaman pergerakan populasi tertentu membantu dalam menentukan di mana racun diambil. Awalnya, pengulangan tandem diklon dari DNA genom Merlin (*F. columbarius*) yang menghasilkan pola pembatasan yang sangat polimorfik pada Peregrine. Hal ini mengarah pada pengembangan penanda spesifik populasi yang membedakan populasi Greenland dan Argentina (Haigh, 1998 mengutip dari Longmire *et al.*, 1988). Selain itu probe minisatelit M13 dapat digunakan untuk mengidentifikasi fragmen yang hanya terdapat pada Peregrine betina. Salah satu *sex-linked fragment* juga terbukti dapat membedakan individu dari *Falco peregrinus tundrius* (berkembang biak di Alaska) dan *Falco peregrinus anatum* (berkembang biak di Meksiko utara) ketika subspeciesnya bercampur saat bermigrasi (Haigh, 1998 mengutip dari Longmire *et al.*, 1991). Penelitian lebih lanjut pada penanda

ini akan memberikan gambaran yang lebih lengkap tentang pergerakan spesies elang tersebut (Haigh, 1998).

Hadirin yang saya muliakan,

Lebih dari 20 tahun yang lalu, mulai sadar akan potensi peran penanda molekuler dalam menilai struktur populasi (yaitu keragaman genetik, ukuran efektif, perkawinan sedarah, dll.) dan ketika allozyme digunakan sebagai penanda untuk menguji keragaman genetik dalam penangkaran populasi koloni anjing laut gajah (*Mirounga angustirostris*) (Haigh, 1998). Mereka melaporkan tidak ada polimorfisme yang ditemukan di 24 lokus yang diperiksa) dan menyimpulkan bahwa kurangnya heterozigositas ini mungkin disebabkan oleh penurunan populasi akibat perburuan bertahun-tahun pada tahun 1800an. Sedikit perhatian diberikan pada masalah ini sampai 5 tahun kemudian ketika Ralls *et al.* (1979) yang dikutip oleh Haigh (1998) mulai menyelidiki potensi dampak merugikan dari perkawinan sedarah pada populasi kecil ungulata yang ditangkap. Selanjutnya, penggunaan penanda molekuler oleh O'Brien *et al.* (1983) yang dikutip oleh Haigh (1998) menunjukkan kurangnya keragaman genetik dan penurunan populasi cheetah (*Acinonyx jubatus*). Sejak saat ini, para ahli biologi konservasi dengan cepat menyadari kegunaan teknik molekuler dalam mengukur dan mengevaluasi faktor-faktor yang saling terkait yang dapat mempengaruhi kelangsungan hidup populasi (Haigh, 1998).

Kekhawatiran atas interpretasi data allozyme yang berkaitan dengan struktur populasi, khususnya dalam upaya pelestarian, membuat Hartl dan Pucek (1994) yang dikutip oleh Haigh (1998) meneliti lebih dekat hubungan antara heterozigositas (H) dan persentase lokus polimorfik (P) dalam studi mereka terhadap populasi bison Eropa (*Bison bonasus bonasus*) yang mengalami

hambatan genetik di Hutan Polandia. Mereka memeriksa kedua faktor ini dalam populasi dan spesies atau populasi *Artiodactyla* yang mengalami hambatan serupa. Survei allozyme terhadap 69 lokus menunjukkan dugaan bahwa bison tidak hanya memiliki rata-rata heterozigositas yang rendah ($H=1,2\%$), tetapi nilai ini tiga kali lebih rendah dibandingkan hasil survei sebelumnya terhadap 20 lokus ($H=3,5\%$) (Haigh, 1998 mengutip dari Gebczynski dan Tomaszewska-Guszkiewicz 1987). Data dari *Artiodactyla* lain menunjukkan bahwa persentase lokus polimorfik adalah satu-satunya faktor yang tampak berkurang secara signifikan pada spesies atau populasi yang mengalami hambatan genetik. Lebih lanjut, heterozigositas hanya berguna sebagai indikator variabilitas genetik secara keseluruhan pada spesies atau populasi yang tidak mengalami hambatan genetik. Hasil ini menyarankan bahwa penurunan genetik harus dipertimbangkan dengan memeriksa rasio H:P dan varian H di antara sejumlah lokus pada populasi bison (Haigh, 1998).

Meskipun karakterisasi struktur populasi secara umum merupakan langkah penting dalam mengevaluasi kelangsungan hidup populasi, seringkali hubungan antara beberapa individu dalam populasi tidak diketahui. Dalam banyak kasus, hal ini mungkin tidak menjadi masalah, namun dalam populasi kecil dan/atau penangkaran di mana kontribusi masing-masing individu terhadap keragaman genetik di masa lalu dan masa depan sangat penting, maka pengetahuan tentang keterhubungan sangatlah penting. Misalnya: identifikasi keterkaitan antara para indukan dengan populasi liar, translokasi, reintroduksi atau penangkaran akan membantu memandu pengelolaan populasi di masa depan. Dalam beberapa kasus, identifikasi indukan saja akan memberikan pemahaman yang lebih baik tentang struktur populasi. Sebagai contoh, hubungan silsilah diperoleh dari Waldrapp Ibises (*Geronticus eremita*) yang ditangkap dengan membandingkan

sidik jari DNA dari masing-masing individu yang ditangkap dengan masing-masing calon pasangan induk betina dan induk jantan (Haigh, 1998 mengutip dari Signer *et al.*, 1994). Dengan menggunakan pendekatan ini, asal usul 29 dari 33 burung dapat disimpulkan. Pada saat itu, pasangan burung kemudian dapat dipilih sehingga keturunannya dapat mewakili populasi yang beragam (Haigh, 1998).

Dalam kebanyakan kasus, data allozyme dan mitokondria tidak cukup memberikan detail data yang diperlukan untuk analisis yang lebih baik. Minisatelit telah menjadi sebuah langkah maju yang besar, namun analisisnya masih dapat menjadi masalah karena nilai kesamaan DNA yang tumpang tindih untuk beberapa tingkat keterhubungan serta kesulitan dalam menilai seluruh autoradiogram. Mikrosatelit memberikan resolusi terbaik hingga saat ini, namun belum diuji secara ekstensif (Haigh, 1998 mengutip dari Blouin *et al.*, 1996). Dalam semua kasus, perlu diingat bahwa pengetahuan tentang hal tersebut setidaknya sebagian silsilah telah menjadi tulang punggung analisis (Haigh, 1998).

Dari penjelasan diatas terlihat bahwa biokimia molekuler dapat digunakan untuk mengatasi permasalahan pelestarian tertentu. Biokimia molekuler juga menyediakan wawasan tentang peran individu hewan dalam suatu populasi, hubungan antar populasi, dan perbedaan antar spesies. Namun, pemahaman terbesar mengenai informasi molekuler akan diperoleh ketika informasi tersebut digunakan bersama dengan data ekologi, demografi, perilaku, dan fisiologis yang dikumpulkan di lapangan. Di masa depan, evolusi pesat dari biokimia molekuler dengan teknologi molekuler baru akan memungkinkan untuk mengidentifikasi individu dan struktur populasi dengan resolusi tinggi, dan berpotensi untuk melacak dampak faktor-faktor seperti penyakit (melalui MHC) terhadap kelangsungan hidup populasi.

Hadirin yang saya muliakan,

Sejak dahulu kegiatan beternak sapi telah banyak dilakukan di Indonesia. Pada zaman kerajaan Hindu, ternak sapi lazim diberikan oleh raja kepada para pendeta Brahmana sebagai ungkapan rasa terima kasihnya, seperti terlihat pada beberapa prasasti, seperti: prasasti Muara Kaman, Kutai, Kalimantan Timur (abad ke-4 Masehi), prasasti Tugu, Jakarta (pertengahan abad ke-5 M), dan prasasti Dinaya, Malang, Jawa Timur (760 M). Sapi telah lama dimanfaatkan sebagai hewan penarik di Indonesia. Relief pada dinding Candi Borobudur, Magelang, Jawa Tengah (750 M) menunjukkan sepasang sapi zebu (*Bos indicus*) sedang digunakan untuk membajak. Adapun di Sukuh, Karanganyar, Jawa Tengah (pertengahan abad ke-15 M), ditemukan relief sapi tanpa punuk atau sapi bali (*Bos javanicus*) yang mempunyai lonceng besar di bagian leher (Jawa: klonengan) sebagai ciri khas hewan penarik (Sutarno dan Setyawan 2015a; Sutarno dan Setyawan, 2015b). Pada era Islam, kebutuhan akan hewan ternak semakin meningkat seiring dengan datangnya perayaan Idul Adha dengan cara menyembelih hewan ternak. Selain itu, di beberapa daerah puasa Ramadhan dan Idul Fitri juga dirayakan dengan mengonsumsi hewan ternak, misalnya tradisi Meugang Aceh yang sudah ada sejak Sultan Iskandar Muda (1607-1636), sehingga mendorong pengembangan sapi lokal Aceh (Sutarno dan Setyawan, 2015b mengutip dari Yunita, 2012).

Hadirin yang saya hormati,

Sudrajat *et al.* (2020) mengutip dari berbagai sumber mengatakan bahwa pergerakan ternak domestikasi diyakini dipengaruhi oleh pola migrasi manusia karena ternak menyediakan makanan dan membantu budidaya tanaman (walaupun demikian hingga saat ini interaksi antara faktor-faktor ini masih belum

jelas). Menarik untuk dicermati adalah bagaimana keragaman ras sapi di Asia Tenggara, dan khususnya di Indonesia, dipengaruhi oleh pola migrasi manusia. Sudrajat *et al.* (2020) mengutip dari Kikkawa *et al.* (1995) mengemukakan tiga kemungkinan nenek moyang campuran sapi domestik di daerah ini, yaitu taurin, indicine, dan *Bos javanicus* peliharaan lokal yang juga dikenal sebagai sapi Bali. Penemuan lonceng sapi kuno berbentuk persegi panjang dan relief naratif pada Candi Borobudur di Indonesia yang menggambarkan sapi bungkuk dengan kalung lonceng menimbulkan spekulasi bahwa zebu India awal masuk ke Indonesia antara abad ke-9 dan ke-10 serta disilangkan dengan sapi Bali di daerah lain (Sudrajat *et al.*, 2020; Sutarno and Setyawan, 2016). Ada bukti dokumentasi mengenai impor sapi taurin dan zebu ke Indonesia selama masa kolonial Belanda dari tahun 1905 hingga 1920 (Sudrajat *et al.*, 2020).

Domestikasi banteng liar (*Bos javanicus javanicus*) menjadi sapi Bali hingga saat ini masih menjadi ternak utama di Indonesia dan merupakan warisan budaya asli Indonesia yang patut dilestarikan. Hasil ternak sapi Bali menunjukkan potensi Indonesia menjadi negara yang mandiri dan berdaulat dalam hal pangan. Proses domestikasi sapi banyak dilakukan di Eropa dan Asia namun tidak menghasilkan keturunan yang lestari, kecuali hanya dua spesies yaitu sapi taurin (*Bos taurus*) dan sapi zebu (*Bos indicus*). Keduanya merupakan keturunan sapi auroch liar (*Bos primigenius*) yang tersebar luas di Asia, Eropa, dan Afrika Utara pada akhir zaman glasial terakhir (12.000 BP) (Sutarno and Setyawan, 2015a). Sapi Taurin didomestikasi antara 10.300-10.800 BP di negara perbatasan Turki, Suriah dan Irak (Sutarno and Setyawan, 2015a), sedangkan sapi zebu didomestikasi di Lembah Indus di tepi gurun Mehrgarh, Baluchistan, Pakistan sekitar 8000 BP (Sutarno and Setyawan, 2015a). Domestikasi spesies dan sejarah panjang migrasi, seleksi dan adaptasi telah menciptakan

beragam ras (Sutarno and Setyawan, 2015a). Berdasarkan tempat asal domestikasinya, sapi taurin (tanpa punuk) merupakan sapi sub tropis, dengan populasi utama berada di Eropa, Amerika Utara dan Australia. Sedangkan sapi zebu (berpunuk) merupakan sapi tropis dengan populasi terbesar di India, Afrika, dan Brazil. Setiap spesies sapi mempunyai ratusan ras, termasuk keturunan persilangannya.

Sutarno and Setyawan (2015a) mengutip dari berbagai sumber mengatakan bahwa sapi Bali telah didomestikasi dari banteng liar sejak c.a. 5000 BP. Sapi Bali merupakan sapi yang paling berhasil didomestikasi di luar sapi taurin dan zebu. Jika sapi taurin dan zebu menjadi ternak utama dunia, maka sapi Bali menjadi ternak utama di Indonesia. Namun proses seleksi sapi Bali masih relatif kurang berkembang karena memiliki genetik yang relatif sama dengan banteng liar. Walaupun sapi Bali banyak disilangkan dengan sapi zebu dan sekarang dengan sapi taurin, namun proporsi genetik keturunannya didominasi oleh sapi eksotik sehingga tidak lagi tergolong sapi Bali sedangkan sapi Bali tergolong murni (Mohamad *et al.* 2009), kecuali sapi Bali di Malaysia yang merupakan campuran zebu dan banteng dengan proporsi relatif seimbang. Domestikasi spesies sapi lainnya juga dilakukan di Asia (Sutarno and Setyawan, 2015a). Di Tibet, sapi yak (*Bos grunniens*) telah didomestikasi dan mampu beradaptasi di dataran tinggi sejak c.a. 4500 BP (Sutarno and Setyawan, 2015a). Sapi gayal atau mithun (*Bos frontalis*) telah didomestikasi dari gaur liar (*Bos gaurus*) (Uzzaman *et al.*, 2014;) di perbatasan timur laut India, Bangladesh dan Myanmar (Sutarno and Setyawan 2015a). Spesies sapi Asia ini berhibridasi dengan sapi taurin dan zebu yang penyebarannya semakin luas sehingga menghasilkan spesies campuran yang memberikan kontribusi unik bagi sumber daya peternakan dunia (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Bukti hibridisasi antara *Bos javanicus* dan *Bos indicus* pada sapi Indonesia telah dikonfirmasi oleh banyak ilmuwan dengan menggunakan pendekatan yang bervariasi (Kikkawa *et al.*, 1995; Mohamad *et al.*, 2009; Sudrajat *et al.*, 2020). Sapi Ongole Grade, sapi Madura, sapi Jabres, sapi Aceh dan sapi Pesisir diusulkan sebagai sapi hibrida hasil persilangan tersebut di Indonesia. Menariknya, pola hibridisasi serupa juga diidentifikasi pada sapi di Thailand (Wangkumhang *et al.*, 2015; Sudrajat *et al.*, 2020) dan Cina (Sudrajat *et al.*, 2020). Bagaimana persilangan antara kedua ras ini (*Bos javanicus* dan *Bos indicus*) terjadi, dan bagaimana keduanya dapat melahirkan banyak ras lain, masih belum jelas. Penjelasan yang paling mungkin mengenai keragaman ras sapi di Indonesia melibatkan tingkat introgresi sapi zebu-Bali yang bervariasi yang terdapat pada setiap ras (Mohamad *et al.*, 2009; Sudrajat *et al.*, 2020).

Hadirin yang saya hormati,

Beberapa spesies sapi telah berkontribusi terhadap peternakan sapi di seluruh dunia (Mohamad *et al.*, 2009). Sebagian besar sapi peliharaan termasuk dalam spesies *Bos taurus* atau *Bos indicus* (zebu), keduanya merupakan keturunan auroch liar (*Bos primigenius*). Yak domestik (*Bos grunniens*) yang dipelihara di dalam dan sekitar Tibet, gayal (*Bos frontalis*) di India Timur berasal dari gaur (*Bos gaurus*), sedangkan sapi Bali Indonesia adalah bentuk domestik dari banteng (*Bos javanicus*). Terlepas dari peran mereka yang jelas sebagai hewan ternak selama perkembangan budaya kita, tetapi sejarah sapi domestik belum terdokumentasi dengan baik. Selama 15 tahun terakhir, analisis DNA telah memungkinkan rekonstruksi filogenetik dari kejadian paling awal selama domestikasi (Mohamad *et al.*, 2009). Sebagai contoh, analisis DNA mitokondria menetapkan asal usul induk betina taurin dari

ras zebu di luar Asia (Mohamad *et al.*, 2009). Bibit sapi Indonesia seharusnya berasal dari zebu dan juga banteng (Mohamad *et al.*, 2009). Sapi Bali domestik dipelihara di Bali, Jawa Timur dan di daerah terpencil di Sumatera dan Sulawesi. Keunggulannya adalah ketahanannya yang tinggi terhadap sebagian besar penyakit, kemampuan yang luar biasa untuk tumbuh pada pakan berkualitas rendah dan kesuburan yang tinggi (Mohamad *et al.*, 2009). Di sisi lain, sapi Bali tidak dapat dipelihara dengan baik bersama domba karena rentan terhadap penyakit catarrhal ganas, sementara angka kematian sapi dara relatif tinggi. Temperamen mereka yang seperti rusa membuat mereka paling cocok untuk pengelolaan intensif berbasis desa untuk membajak sawah (Mohamad *et al.*, 2009), sedangkan kuku mereka terlalu lunak untuk bekerja di jalan beraspal. Daging dari hewan muda memiliki reputasi sangat empuk. Persilangan banteng dan zebu menghasilkan keturunan yang layak, namun hibrida jantan tidak subur (Mohamad *et al.*, 2009). Namun, asal usul spesies banteng zebu campuran tidak didukung oleh catatan penangkaran, sementara hanya tersedia data molekuler sporadik (Kikkawa *et al.*, 1995; Mohamad *et al.*, 2009). Analisis asal spesies induk betina, induk jantan dan autosomal dari lima ras zebu dan lima populasi sapi Bali, menunjukkan bahwa komposisi spesies ras zebu Indonesia unik dan bervariasi dari sebagian besar zebu hingga seluruh banteng. Informasi ini mempunyai relevansi langsung dengan pengelolaan genetik dan pelestarian bibit sapi Indonesia (Mohamad *et al.*, 2009).

Penelitian dengan menggunakan sampel darah dan jaringan kulit sapi bali dan banteng serta sampel darah dari ras zebu, dengan metode yang digunakan PCR-RFLP, sekuensing serta *microsatellite genotyping* melaporkan bahwa sampel sapi zebu Aceh dan Pesisir memiliki DNA mitokondria zebu, sedangkan garis keturunan induk betina dari kedua spesies tersebut terwakili pada sapi Filial Ongole (Mohamad *et al.*, 2009). Hal ini sesuai dengan

penelitian sebelumnya bahwa mtDNA banteng telah ditemukan pada 20 dari 26 (Kikkawa *et al.*, 1995; Mohamad *et al.*, 2009) atau enam dari tujuh hewan Filial Ongole (Mohamad *et al.*, 2009). Dilaporkan juga bahwa mtDNA banteng ditemukan pada 56% sampel zebu Madura di Jawa Timur dan 94% pada zebu Galekan. Namun asal induk sapi Bali dari lima lokasi berbeda di tiga pulau (Sumatera, Jawa Timur dan Madura) hampir seluruhnya adalah banteng dengan asal usul zebu hanya ditemukan pada 1 dari 125 ekor hewan sampel. Hal ini berbeda dengan sapi Bali asal induk campuran yang berasal dari Malaysia, namun sejalan dengan hasil yang diperoleh untuk populasi sapi Bali liar (Mohamad *et al.*, 2009)

Semua sapi jantan zebu hanya membawa kromosom-Y zebu. Meskipun hewan Filial Ongole betina yang dijadikan sampel, tetapi dalam penelitian lain tujuh ekor sapi jantan dari Filial Ongole ditemukan membawa kromosom-Y zebu (Mohamad *et al.*, 2009). Kromosom-Y zebu juga ditemukan pada ras Galekan Jawa Timur dan Madura. Namun, untuk dua ekor sapi jantan Madura, rangkaian segmen gen ZFY dan SRY menunjukkan asal usul taurin, kemungkinan sapi tersebut merupakan hasil persilangan eksperimental dengan sapi jantan *Danish Red* dan *French Limousin* (Mohamad *et al.*, 2009). Kedua ras Eropa ini membawa haplotipe kromosom-Y yang berbeda (masing-masing Y1 dan Y2) (Mohamad *et al.*, 2009). Pemeriksaan SNP yang berbeda mengungkapkan bahwa kedua sapi jantan Madura dengan kromosom-Y taurin membawa haplotipe Y2, kompatibel dengan asal Limousin. Asal usul sapi Madura mungkin juga bergantung pada lokasi pengambilan sampel, karena penelitian sebelumnya menemukan kromosom-Y pada dua ekor sapi Madura dari tempat penangkaran di Malang-Jawa. Hasil ini berbeda kecuali di Sumatera Selatan, seluruh sapi Bali dalam penelitian merupakan keturunan banteng (Mohamad *et al.*, 1995). Mohamad

et al (1995) melaporkan bahwa untuk memperkirakan komposisi autosom spesies, dilakukan pemeriksaan genotipe pada 16 penanda mikrosatelit dari 30 mikrosatelit yang direkomendasikan oleh FAO untuk studi keanekaragaman ([//lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid = -1,50006220](http://lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006220)) serta juga membandingkan data dengan genotipe untuk penanda yang sama dari tujuh populasi zebu India. Di sapi Bali, heterozigositas yang diamati jelas lebih rendah dari nilai yang diharapkan, mungkin karena perkawinan sedarah dalam populasi lokal. Namun, nilai heterozigositas jelas lebih tinggi ditemukan pada sapi Ongole Indonesia, sapi Madura, dan sapi Galekan, sedangkan nilai terendah ditemukan pada delapan spesies liar banteng menunjukkan kemungkinan perkawinan sedarah dalam populasi.

Hadirin yang saya hormati,

Indonesia adalah negara tropis dengan lingkungan yang keras. Hal ini berarti bahwa sapi Indonesia secara rutin terpapar berbagai pemicu stres lingkungan seperti ektoparasit (kutu, lalat, ulat serta serangga penggigit lainnya), endoparasit (cacing pada saluran cerna), gizi buruk yang bersifat musiman, dan lain-lain. Suhu panas, kelembaban yang tinggi serta penyakit yang sering ditularkan oleh parasit, kemungkinan akan meningkat secara signifikan akibat perubahan iklim pada tahun-tahun mendatang. Masing-masing penyebab stres ini berpotensi memberikan dampak serius terhadap kelangsungan hidup, pertumbuhan, dan reproduksi ternak. Dampak dari masing-masing pemicu stres terhadap produksi dan kesejahteraan hewan seringkali bersifat multiplikatif dibandingkan aditif, khususnya ketika hewan sudah mengalami stres fisiologis seperti laktasi (Widyas *et al.*, 2022). Dalam sistem produksi sapi di Indonesia, umumnya tidak mungkin untuk mengendalikan pemicu stres melalui strategi pengelolaan ternak

karena kurangnya akses terhadap pengobatan (baik karena biayanya yang tinggi dan/atau tidak tersedianya di Indonesia) atau keengganan para peternak Indonesia untuk melakukan hal tersebut. Kalaupun digunakan seringkali karena alasan budaya. Sekalipun strategi intervensi dapat dilakukan, pengobatannya sendiri seringkali menimbulkan masalah tersendiri. Misalnya, perawatan dengan senyawa kimia untuk mengendalikan parasit menimbulkan kekhawatiran mengenai residu dalam produk daging sapi. Selain itu, parasit menjadi resisten terhadap pengobatan kimia, sehingga menimbulkan masalah pengendalian parasit tambahan (Widyas *et al.*, 2022). Dalam sistem tempat pemberian pakan intensif, panas dan kelembaban yang tinggi, bahkan tanpa adanya pemicu stres lainnya, dapat menjadi sangat penting baik untuk alasan produksi maupun kesejahteraan hewan. Dalam kasus seperti ini, intervensi pengelolaan mungkin dapat dilakukan, namun hal ini sulit dan/atau mahal untuk diterapkan, terutama pada sapi yang memiliki kemampuan adaptasi yang buruk. Oleh karena itu, metode terbaik untuk mengurangi dampak pemicu stres ini guna meningkatkan produktivitas dan kesejahteraan hewan adalah dengan membiakkan sapi yang produktif di hadapan mereka, tanpa memerlukan intervensi manajerial. Di Indonesia, hal seperti ini berarti menggunakan sapi yang mampu beradaptasi dengan baik terhadap lingkungan tropis yang keras, biasanya karena mereka atau nenek moyang mereka mampu berevolusi di iklim tersebut (Widyas *et al.*, 2022).

Widyas *et al.* (2022) mengutip dari beberapa sumber melaporkan bahwa perbandingan komparatif dari beberapa tipe ras yang berbeda untuk karakteristik yang berbeda di lingkungan beriklim sedang dan tropis berdasarkan pada Burrow *et al.* (2001) dan diadaptasi oleh Burrow *et al.* (2019) ditunjukkan pada Tabel 1. Oleh karena kurangnya perbandingan tipe ras langsung dari sebagian besar tipe ras tropis dan subtropik, maka untuk wilayah

tropis, pemeringkatan di wilayah ini sebagian besar didasarkan pada hasil dari *Belmont Research Station* dan dari program penelitian terkait di peternakan industri daging sapi di Australia utara (Burrow *et al.*, 2001; Burrow *et al.*, 2019). Perbandingan di daerah beriklim sedang sebagian besar berasal dari *Meat Animal Research Center* di Nebraska, AS sedangkan penelitian terkait di lingkungan yang lebih hangat seperti Florida, AS (Burrow *et al.*, 2001; Burrow *et al.*, 2019). Tidak ada perbandingan ras langsung yang diketahui antara *Bos javanicus* (sapi Bali) dan tipe ras lainnya, sehingga peringkat pada Tabel 1 disimpulkan dari kinerja ras yang dirangkum oleh (Coplan *et al.*, 1996). Lingkungan beriklim sedang diasumsikan bebas dari pemicu stres lingkungan, sedangkan peringkat lingkungan tropis berlaku jika semua pemicu stres lingkungan beroperasi. Oleh karena itu, meskipun skor, misalnya, 5 untuk kesuburan di lingkungan tropis menunjukkan bahwa jenis ras akan mempunyai kesuburan tertinggi di lingkungan tersebut, tingkat kesuburan sebenarnya mungkin lebih rendah daripada tingkat kesuburan sebenarnya untuk ras yang dipelihara di daerah beriklim sedang daerah tersebut, akibat pengaruh stresor lingkungan yang menurunkan kinerja reproduksi (a). Terutama kelembutan daging (b). *Microplus Rhipicephalus* (boophilus) (c). Khususnya *Oesophagostomum*, *Haemonchus*, *Trichostrongylus* dan *Cooperia spp* (d). Data dari ras murni Eropa tidak tersedia di lingkungan tropis dan responnya diperkirakan dari data persilangan CSIRO Rockhampton (e). Tidak ada perbandingan langsung yang tersedia, sehingga pemeringkatan harus dianggap hanya bersifat indikatif (f). Ras Inggris misalnya termasuk Hereford, Angus dan Shorthorn; Ras Eropa misalnya Charolais, Simmental dan Limousin; Ras Sanga misalnya Afrikaner, Mashona dan Ndama; Bos indicus—Trah India misalnya termasuk Ongole, Brahman dan Nelore; Bos indicus—Trah Afrika misalnya termasuk Boran (g) (Widyas *et al.*, 2022).

Tabel 1. Perbandingan dari tipe-tipe ras yang berbeda untuk sifat-sifat produktif di lingkungan beriklim sedang dan tropis dan untuk adaptasi terhadap beberapa pemicu stres di lingkungan tropis

Breed Type	<i>Bos taurus</i>		<i>Adapted Bos taurus</i>	<i>Bos indicus</i>		<i>F₁ Brahman × British</i>	<i>Bos javanicus (Bali)^f</i>
	British ^g	European ^{e,g}	Sanga ^g	Indian ^g	African ^g		Indonesian
Temperate^a							
Growth	4	5	3	3	2	4	3
Fertility	5	4	4	3	4	5	4
Tropical^a							
Growth	2	2	3	4	2	4	3
Fertility	2	2	5	3	4	5	5
Mature size	4	5	3	4	3	4	3
Meat quality ^b	5	4	5	3	4	4	unknown
Resistance to environmental stressors							
Cattle ticks ^c	1	1	4	5	5	4	4
Worms ^d	3	3	3	5	4	4	unknown
Eye disease	2	3	3	5	4	4	unknown
Heat	2	2	5	5	5	5	5
Drought	2	1	5	5	5	4	5

* semakin tinggi angkanya, semakin baik kinerja sifat tersebut, dan semakin besar ketahanan terhadap stresor lingkungan. (Sumber : Burrow, 2019; Burrow *et al.*, 2001; Widya *et al.*, 2022).

Hadirin yang saya muliakan

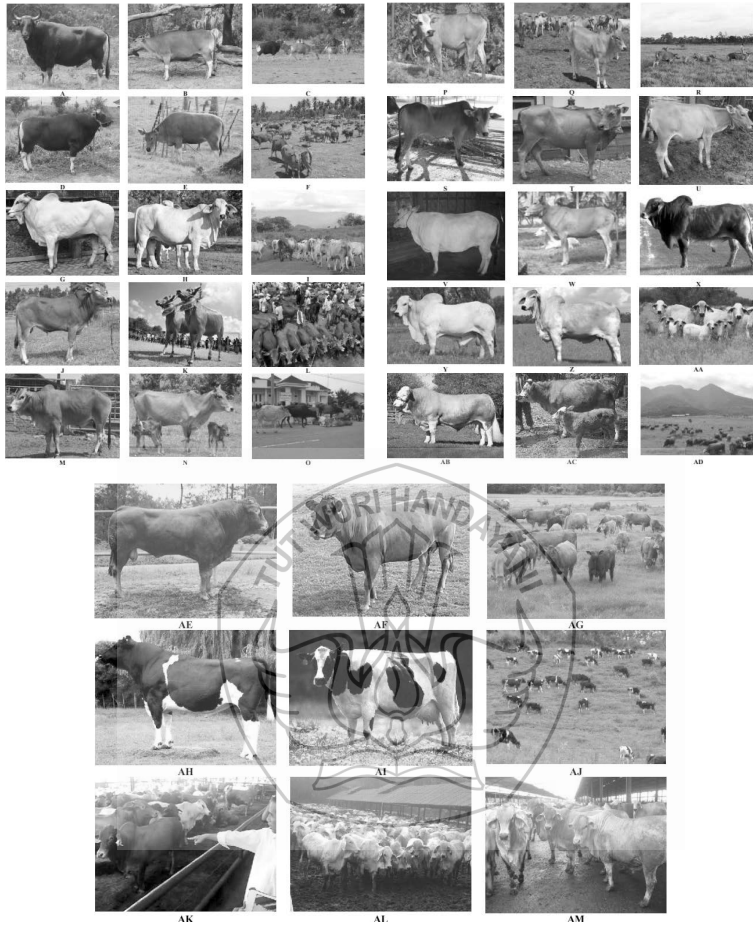
Menurut Sutarno and Setyawan (2015a) dari berbagai sumber melaporkan bahwa sapi lokal Indonesia telah mengalami seleksi dari berbagai tekanan iklim tropis basah, dan kemampuan adaptasi terhadap rendahnya kualitas pakan, parasit lokal dan penyakit, sehingga merupakan fenotip adaptif baru (Sutarno 2006).

Selain sapi Bali, Indonesia juga mempunyai beberapa sapi lokal yang merupakan keturunan langsung dari sapi zebu India, hasil persilangan antara sapi zebu dan sapi Bali, serta persilangan dengan sapi taurin yang diintroduksi terakhir (Sutarno and Setyawan, 2015a). Persilangan primer antara sapi zebu atau taurin dengan banteng (atau sapi Bali) menghasilkan bibit sapi betina subur dan sapi jantan mandul (Lenstra dan Bradley 1999; Sutarno and Setyawan, 2015a). Sapi lokal Indonesia umumnya merupakan hasil persilangan sapi zebu dengan sapi Bali. Adapun Mohammad *et al.* (2009) mengutip dari berbagai sumber melaporkan bahwa

adanya mtDNA banteng pada sapi zebu Indonesia, khususnya pada sapi Madura (56%) dan sapi Galekan (94%), sementara sapi Bali di Indonesia murni berasal dari banteng, sedangkan sapi Bali di Malaysia merupakan campuran zebu dan banteng.

Beberapa sapi lokal yang termasuk dalam kelompok zebu adalah sapi peranakan Ongole (PO) di Pulau Jawa, sapi Pesisir di Sumatera Barat, sapi Aceh di Aceh, dan sapi Sumba Ongole di Pulau Sumba. India merupakan pusat gen sapi zebu (Nozawa, 1979). Sapi lokal hasil persilangan antara sapi zebu dan sapi bali antara lain sapi madura di madura dan sekitarnya, sapi jabres di brebes, sapi rancah di ciamis dan sekitarnya, sapi rambon di bondowoso dan sekitarnya serta sapi galekan langka di Trenggalek. Di Indonesia juga terdapat sapi lokal yang merupakan hasil persilangan dua sapi eksotik yaitu zebu dan taurin yaitu sapi Grati di Pasuruan dan sekitarnya, dan kini lebih dikenal dengan nama *Holstein Friesian* (FH) Indonesia yang merupakan persilangan antara FH jantan dan PO betina (Blakely dan Bade 1998; Williamson dan Payne 1980; Sutarno and Setyawan, 2015a). Menurut Sutarno *et al* (2015), berdasarkan studi mikrosatelit DNA, sapi Madura memiliki karakteristik genetik yang paling berbeda dibandingkan populasi sapi Bali (Lombok dan Sumbawa) dan populasi sapi zebu (sapi Aceh dan sapi PO).

Menurut Sutarno and Setyawan (2015a) dari berbagai sumber bahwa sapi Bali, sapi PO, dan sapi Madura menjadi andalan untuk memenuhi kebutuhan daging di Indonesia, sedangkan sapi *Holstein Friesian* menjadi andalan untuk memenuhi kebutuhan susu (Okumura *et al.* 2007). Populasi sapi potong di Indonesia saat ini sekitar 12,3 juta ekor (BPS, 2014), dan sapi perah sekitar 500.000 ekor (DGLSAH, 2014). Sapi tersebut terdiri dari sapi Bali (33,73%), sapi PO (23,88%), sapi Madura (5,16%), dan lain-lain (13,45%) (DGLS 2010). Konsentrasi utama populasi sapi berada di Jawa (45%), Sumatera (22%), Bali dan Nusa Tenggara (13%), Sulawesi



Gambar 1. Keanekaragaman ternak di Indonesia. AC. Banteng (jantan, betina, ternak); DF. Sapi Bali (sapi jantan, sapi, ternak); GI. Sapi Peranakan Ongole (sapi jantan, sapi, ternak); JL. Sapi Madura (sapi jantan, sapi, ternak); MO. Sapi Aceh (sapi jantan, sapi, ternak); PR. Sapi pesisir (jantan, anakan, ternak); sapi S. Jabres; T. Sapi Rancah; Sapi U. Rambon-Bali; V. Sapi Rambon-Madura; W. Sapi Galekan; X. Sapi Brahman Cross; YAA. Sapi Brahman (jantan, betina, ternak); BURUK. Sapi simmental (sapi jantan, sapi, ternak); AE-AG. Sapi limousin (sapi jantan, sapi, ternak); AH-AJ. Sapi *Holstein Friesian* (sapi jantan, sapi, ternak); AK-AM. Munculnya berbagai jenis sapi di perusahaan penggemukan (feedlotter) yang berasal dari Australia bagian utara (Sumber: Sutarno and Setyawan, 2015a)

(13%), dan sisanya di pulau lain (7%). Populasi sapi sedikit menurun pasca krisis finansial pada akhir tahun 1990an, karena banyak sapi lokal yang dikonsumsi menggantikan sapi impor. Tingkat konsumsi sapi lokal melebihi tingkat kemampuan reproduksi alami sehingga terjadi penurunan jumlah anak sapi yang dilahirkan pada tahun-tahun berikutnya (Pamungkas *et al.*, 2012).

Sapi lokal telah terbukti mampu beradaptasi dengan lingkungan setempat, termasuk pakan, ketersediaan air, iklim dan penyakit, namun secara umum produktivitas sapi lokal lebih rendah dibandingkan sapi eksotik (Sutarno and Setyawan, 2015a). Hewan yang mampu beradaptasi biasanya memiliki gen pengatur produksi dan reproduksi yang lebih unggul terhadap tekanan lingkungan. Pelestarian sapi lokal mendapat banyak tantangan, terutama sejak maraknya upaya peningkatan kualitas pedet melalui perkawinan silang dengan menggunakan semen beku sapi eksotik, terutama sapi Simmental dan Limousin. Keturunan hibrida sangat disukai oleh para peternak karena pertambahan bobot hariannya relatif tinggi, meskipun memerlukan biaya produksi yang lebih tinggi (Sutarno 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a). Upaya persilangan relatif berhasil pada jenis sapi yang sama, seperti zebu dan zebu, atau taurin dan taurin, namun pada persilangan spesies yang berbeda akan menghasilkan anakan sapi jantan mandul dan betina subur dengan kemampuan reproduksi menurun dari generasi ke generasi, secara turun temurun. Oleh karena itu para peternak harus menyediakan indukan baru baik jantan maupun betina dari waktu ke waktu. Persilangan sapi lokal dengan sapi eksotik tersebar luas tanpa adanya evaluasi, pengendalian dan pengabaian terhadap pentingnya sapi lokal sebagai plasma nutfah yang unik. Hal ini dikhawatirkan dapat mengakibatkan terkikisnya sumber daya genetik hingga punah. Hilangnya gen-gen penting pada sapi yang telah beradaptasi secara lokal dengan kondisi lingkungan setempat akan sulit, atau bahkan tidak mungkin untuk digantikan.

Hal ini terjadi pada banyak sapi lokal di India yang telah punah sebelum teridentifikasi dan dimanfaatkan akibat banyaknya persilangan (Sodhi *et al.* 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Hadirin yang saya hormati,

Peternakan sapi kini telah mencapai babak baru dengan hampir selesainya peta genom sapi taurin (Sutarno and Setyawan, 2015a yang mengutip dari Elsik *et al.*, 2009). QTL (*quantitative trait loci*) memfasilitasi pemahaman tentang tingkat produksi dan karakteristik perilaku sapi potong dan sapi perah, sehingga nantinya dapat memberikan panduan yang pasti dalam proses seleksi (Friedrich *et al.*, 2015). Produksi daging dan susu dapat ditingkatkan melalui seleksi buatan. Peningkatan mutu genetik sapi dapat dilakukan dengan metode konvensional yaitu *performance-based Selection* (PBS) atau pertumbuhan, serta metode seleksi langsung pada DNA dengan menggunakan *marker assisted Selection* (MAS) yang dapat mengenali gen-gen tertentu seperti gen hormon pertumbuhan dan DNA mitokondria (Sutarno 2010; Sutarno and Setyawan, 2015a). Beberapa tahun yang lalu, seleksi untuk mendapatkan bibit yang berkualitas pada umumnya hanya dilakukan berdasarkan penampilan luar (fenotip). Individu yang mempunyai fenotip unggul akan digiring untuk kawin satu sama lain untuk memperoleh keturunan yang fenotipnya unggul. Namun teknik ini kurang tepat karena faktor lingkungan seperti pakan, pemeliharaan dan pengelolaan air dapat mempengaruhi penampilan tubuh, namun tidak diturunkan. Sedangkan faktor genetik yang mengkode sifat pertumbuhan diwariskan sehingga layak untuk diseleksi (Sutarno 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Seleksi dilakukan menggunakan penanda gen, yaitu variasi sekuens DNA yang mencirikan variasi fenotipe, baik yang secara

langsung mempengaruhi sifat (pendekatan kandidat penanda gen), maupun secara tidak langsung melalui keterkaitan dengan sekuens DNA yang mempengaruhi fenotipe (pendekatan penanda acak). Pendekatan kandidat penanda gen didasarkan pada pengetahuan bahwa gen yang dipilih terlibat dalam sifat yang diinginkan, seperti gen hormon pertumbuhan. Namun pendekatan ini terbatas pada karakteristik yang diketahui hubungan fisiologis dan biokimia. Sebaliknya pada pendekatan penanda acak, pengukuran genotipe dilakukan pada sejumlah lokus keseluruhan genom tanpa mengetahui pengaruh fenotipe, dengan harapan terdapat lokus yang berkaitan dengan sifat yang diinginkan, sehingga pendekatan ini kurang bernilai dibandingkan pendekatan kandidat penanda gen (Sutarno 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Gen tertentu mempunyai pengaruh signifikan terhadap pertumbuhan, produksi susu, atau target spesifik lainnya. Menurut Sutarno and Setyawan, 2015a yang mengutip dari Edwards and Page (1994) serta Lande and Thompson (1990) menyatakan bahwa peningkatan sifat genetik hingga 50% akan terjadi dengan teknik MAS. Peningkatan ini terjadi karena semakin besarnya kendali teknik MAS dalam seleksi sehingga mempersingkat waktu seleksi antar generasi karena gen dapat diidentifikasi sejak awal saat lahir atau masih dalam kandungan. Pendekatan penanda gen telah banyak berhasil digunakan untuk mengkarakterisasi ketahanan terhadap penyakit, kualitas dan kuantitas karkas, kesuburan dan reproduksi, produksi susu, dan kinerja pertumbuhan (Sutarno, 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Pertumbuhan dikendalikan oleh beberapa gen, baik gen yang mempunyai pengaruh besar (gen mayor) maupun gen yang mempunyai pengaruh kecil (gen minor). Salah satu gen yang dianggap sebagai gen kunci dalam mempengaruhi pertumbuhan adalah gen hormon pertumbuhan. Selain itu, DNA mitokondria yang terletak di luar nukleus (sitoplasma) juga

dianggap mempengaruhi pertumbuhan karena mtDNA merupakan pengontrol proses pembentukan energi (Sutarno 2010; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Hadirin yang saya hormati,

Sutarno and Setyawan (2015a) mengutip dari beberapa sumber melaporkan bahwa hormon pertumbuhan pada sapi (*bovine growth hormone*) mempunyai peranan besar dalam pertumbuhan, produksi susu, komposisi tubuh hewan, dengan rata-rata pertumbuhan yang lebih tinggi. Pemberian hormon pertumbuhan dapat meningkatkan rata-rata pertumbuhan sapi. Peningkatan pertumbuhan dipengaruhi oleh kinerja IGF-I sehingga variasi gen tersebut menyebabkan variasi pertumbuhan. Menurut Schlee *et al.* (1994b) polimorfisme pada gen hormon pertumbuhan (GHG) menyebabkan perbedaan sintesis hormon sehingga mengakibatkan perbedaan konsentrasi atau sirkulasi hormon tersebut dalam tubuh sapi. Perbedaan ini menyebabkan terjadinya variasi pertumbuhan antar individu. Dengan demikian, variasi DNA pada gen hormon pertumbuhan dapat menjadi kandidat potensial sebagai penanda gen ciri pertumbuhan ternak (Sutarno 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Variasi lokus gen hormon pertumbuhan sapi komposit di Australia Barat berpengaruh nyata terhadap variasi rata-rata pertumbuhan (Sutarno *et al.*, 1996; Sutarno 1998). Schlee *et al.* (1994b) menemukan bahwa perbedaan genotipe gen hormon pertumbuhan mempengaruhi konsentrasi hormon pertumbuhan dan IGF-I dalam sirkulasi pada sapi Simmental. Rocha *et al.* (1992) menemukan adanya hubungan yang signifikan antara alel hormon pertumbuhan dengan berat lahir dan lebar punggung saat lahir pada sapi Brahman. Variasi ini telah dilaporkan pada sapi taurin, namun masih terbatas pada sapi potong lokal Indonesia

(Sutarno dan Junaidi, 2001; Sutarno, 2003; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Untuk mendapatkan sapi lokal Indonesia unggul dalam produksi daging, perlu “*Smart Breeding*” merupakan strategi pemuliaan sapi lokal didukung penanda gen dari populasi sapi lokal melalui analisis menyeluruh terhadap kombinasi data fenotipe (pertumbuhan), data genotipe (alel), serta seluruh data pendukung yang dapat mempengaruhi pertumbuhan (spesies ternak, jenis kelamin, umur, konsentrasi hormon pertumbuhan, dll.). Ada beberapa penanda yang bisa digunakan yaitu penanda genetik, penanda morfologi, penanda sitologi dan penanda biokimia. Namun demikian penanda genetik yang paling handal karena didasarkan pada mutasi urutan nukleotida dalam genom individu. Gen hormon pertumbuhan sapi yang telah dipetakan terletak pada kromosom 19 dengan lokasi-qtr Q26 (Sutarno and Setyawan, 2015a). Urutan gen ini terdiri dari 1793 bp yang terbagi menjadi lima ekson dan dipisahkan oleh empat intron (Sutarno, 2006). Variasi gen penyandi hormon pertumbuhan telah dilaporkan pada sapi taurin, contohnya sapi perah *Red Danish*, sapi potong Simmental (Schlee *et al.*, 1994a; Sutarno and Setyawan, 2015a), sapi potong Hereford dan sapi potong komposit (Sutarno *et al.*, 1996; Sutarno, 1998) serta sapi PO, sapi Bali dan sapi Madura (Sutarno *et al.* 2002a, Sutarno *et al.*, 2003). Variasi tersebut umumnya disebabkan oleh delesi, substitusi atau penyisipan (Sutarno, 1998; Sutarno, 2003; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Seleksi untuk mendapatkan keturunan unggul berdasarkan penanda DNA seperti polimorfisme DNA dapat memberikan hasil yang lebih akurat dan efisien (Schlee *et al.* 1994b). Variasi gen pada gen hormon pertumbuhan berhubungan dengan variasi hormon pertumbuhan dan *insulin-like growth factor* (IGF-I). Adanya variasi hormon pertumbuhan dan IGF-I menyebabkan perbedaan pertumbuhan, sehingga gen penyandi hormon pertumbuhan dapat

dijadikan potensi awal sebagai penanda DNA pada peternakan sapi lokal Indonesia (Sutarno 2006; Sutarno and Setyawan, 2015a).

Hadirin yang saya hormati,

DNA mitokondria (mtDNA) merupakan penanda genetik yang sangat berguna untuk mempelajari asal usul, keragaman genetik dan diferensiasi keturunan karena adanya ciri unik yang diwarisi dari induk betina, juga dapat digunakan untuk mengetahui laju evolusi yang cepat dengan tingkat rekombinasi yang lebih sedikit. DNA mitokondria terletak di luar nukleus dan bertanggung jawab untuk pembentukan energi. Hal ini tentu mempengaruhi pertumbuhan, reproduksi dan karakteristik produksi pada sapi. Gen mtDNA merupakan penanda yang efisien, karena segmen gen yang berevolusi berbeda-beda (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip berbagai sumber).

Menurut Sutarno and Setyawan (2015a) yang mengutip dari beberapa sumber menyatakan bahwa variasi mtDNA sapi mengalami evolusi lebih cepat daripada DNA inti meskipun terdapat ribuan salinan genom mitokondria di setiap sel. Substitusi nukleotida terjadi sekitar lima hingga sepuluh kali lebih cepat dibandingkan mutasi yang sama pada inti DNA. Modifikasi dan variasi mtDNA akan mempengaruhi fenotip, sebagai contoh adanya pengaruh terhadap produksi susu, demikian juga adanya substitusi pada pasangan nukleotida (bp) no. 169 dari sekuens regio D-loop memberi pengaruh signifikan terhadap persentase lemak susu. Dari penjelasan diatas maka terlihat bahwa adanya variasi mtDNA pada segmen D-loop berpengaruh nyata terhadap ciri reproduksi sapi Hereford dan Sapi Komposit (Sutarno *et al.*, 2002a; Sutarno *et al.*, 2002b).

DNA mitokondria merupakan penanda berdasarkan silsilah induk betina yang dapat menunjukkan riwayat keluarga. Penelitian

pada regio D-loop dari mtDNA pada beberapa ras sapi menunjukkan bahwa nenek moyang sapi taurin berasal dari Syria, kemudian menyebar ke seluruh Eropa. Regio D-loop dari mtDNA pada sapi mungkin menunjukkan hibridisasi antara banteng dan sapi Madura. Berdasarkan sekuens regio D-loop mtDNA, terlihat bahwa sapi Aceh ternyata satu klaster dengan sapi Pesisir dan PO merupakan sapi zebu, sedangkan sapi Bali dan sapi Madura merupakan klaster tersendiri. Komposisi dasar nukleotida regio D-loop mtDNA sapi Aceh berbeda dengan sapi lokal lainnya dengan perbedaan urutan dari yang terkecil hingga terbesar yaitu pada sapi Pesisir, sapi PO, sapi Bali dan sapi Madura. Hal ini dapat dijadikan sebagai penanda pembeda dan pengelompokan sapi lokal Indonesia. Sapi aceh mempunyai kemiripan susunan basa nukleotida sebesar 94,36% dengan sapi zebu, sehingga berdasarkan garis keturunannya sapi aceh merupakan keturunan sapi zebu (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Analisis mtDNA juga dapat digunakan untuk menelusuri hubungan dan kemurnian genetik dari garis induk betina. Sapi Bali di Malaysia umumnya mengandung gen sapi lain seperti sapi kuning China, Kedah-Kelantan dan Brakmas, sedangkan sapi Bali di Indonesia cenderung murni (Somarny *et al.*, 2015 yang dikutip oleh Sutarno and Setyawan, 2015a). Hal ini terjadi karena di Malaysia sapi Bali dipelihara bersama dengan jenis sapi lainnya, sedangkan di Indonesia umumnya tidak dipelihara bersama dengan sapi lain (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari Nijman *et al.*, 2003). Sebaliknya, sapi kuning China yang diyakini merupakan keturunan persilangan taurin dan zebu ternyata mengandung gen sapi Bali atau banteng. Pemahaman mengenai asal usul, diferensiasi dan hubungan genetik antar keturunan sapi sangat penting bagi pengelolaan genetik, pemanfaatan berkelanjutan dan pelestarian sapi (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Namun sapi dengan sifat genetik yang sama dapat mempunyai performa yang jauh berbeda karena perbedaan manajemen pemeliharaannya. Di Madura, sapi Madura berfungsi sebagai sapi potong, sapi balap (karapan) dan sapi pajangan (sonok) yang masing-masing mempunyai karakter fisik dan perilaku berbeda, namun ketiganya diambil dari pedet yang umumnya sama. Analisis keanekaragaman BCKDH (*Branched-chain α -ketoacid dehydrogenase*), suatu kompleks enzim utama pada membran dalam mitokondria yang membantu metabolisme valin, leusin, dan isoleusin, dimana tidak menunjukkan adanya mutasi terkait dengan perbedaan peruntukan sapi Madura (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari Febriana *et al.*, 2015).

Analisis data molekuler dari mtDNA dan gen hormon pertumbuhan yang dipadukan dengan data fenotipe pertumbuhan sapi, diketahui bahwa genotipe sapi yang unggul dalam produksi daging dapat digunakan sebagai penanda gen. Pendekatan penanda gen dapat digunakan dalam pemuliaan hewan untuk mendapatkan bibit unggul melalui persilangan terencana berdasarkan genotipe induk. Perkembangan selanjutnya dari penanda gen adalah dapat digunakan pada DNA rekombinan untuk menghasilkan hormon pertumbuhan. Hormon ini sementara dapat digunakan untuk menginduksi pertumbuhan, dan selanjutnya untuk pembentukan hewan transgenik, deteksi dini penyakit dan sifat fenotipik lainnya (Sutarno, 2006)

Hadirin yang saya hormati,

Metode perkawinan silang merupakan salah satu upaya perbaikan ternak karena variabilitas lingkungan dan permintaan pasar yang perlu ditindaklanjuti. Perkawinan silang menimbulkan efek heterosis yaitu diperoleh sifat-sifat baru yang menguntungkan, misalnya persilangan antara sapi zebu yang tahan terhadap iklim

panas dan sapi taurin yang lebih cepat tumbuh. Penyempurnaan tata kelola pemuliaan dapat meningkatkan performa ternak, namun sifat-sifat tersebut tidak dapat diwariskan, sebaliknya perbaikan genetik dapat diwariskan. Produktivitas ternak dipengaruhi oleh faktor genetik dan lingkungan; Sapi dapat mencapai kondisi potensi genetiknya apabila didukung oleh lingkungan yang optimal (Talib *et al.*, 2002, yang dikutip oleh Sutarno and Setyawan, 2015a). Kondisi lingkungan dan jenis ternak mempengaruhi laju pertumbuhan, produksi anakan dan kemampuan reproduksi (Nugroho 2012 yang dikutip oleh Sutarno and Setyawan, 2015a). Sapi yang dipelihara dengan sistem tradisional umumnya akan mengalami kekurangan hijauan karena terbatasnya dan rendahnya kualitas pakan, serta jarang diberikan pakan tambahan seperti konsentrat dan biji-bijian sehingga jarang mencapai kondisi optimal (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari Wiyatna *et al.*, 2012).

Peternak lebih memilih kawin silang karena efek heterosis, dimana keturunannya akan memiliki sifat yang lebih unggul dibandingkan induknya. Pada persilangan melalui inseminasi buatan, peternak dapat mengatur seluruh induk betina untuk melahirkan pada waktu yang relatif bersamaan sehingga diperoleh anakan dengan umur yang sama. Perkawinan silang dapat dirancang untuk menghasilkan bibit sapi tertentu, sesuai dengan kebutuhan pasar. Perkawinan silang sapi tidak bisa dilakukan sembarangan, namun harus dilakukan dengan tujuan yang jelas dan berlangsung dalam jangka panjang dari generasi ke generasi. Oleh karena lemahnya pengendalian dan pengawasan dalam perkawinan silang, dapat mengakibatkan masuknya genetik tambahan dari sapi lain sehingga dapat menggagalkan pencapaian tujuan karena terlalu banyaknya variabilitas pada keturunannya. Perkawinan silang dapat mengakibatkan hilangnya kemampuan beradaptasi terhadap lingkungan setempat, sehingga idealnya

dilakukan evaluasi terhadap dampak ternak introduksi sebelum hal tersebut menjadi kenyataan. Perkawinan silang untuk mendapatkan pedet unggul harus diawali dengan mengkarakterisasi seluruh ciri-ciri sapi lokal yang telah beradaptasi dengan lingkungan setempat dan memperkirakan hasil yang akan diperoleh (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Kinerja reproduksi ternak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. Di daerah beriklim semi-kering atau tropis, sapi zebu menunjukkan performa reproduksi yang lebih unggul dibandingkan sapi taurin. Namun di dataran tinggi atau daerah beriklim sedang, sapi taurin memiliki performa reproduksi yang lebih baik. Beberapa penelitian telah melaporkan hubungan erat antara genotipe dan faktor lingkungan terhadap kinerja produktif dan reproduksi sapi potong dan sapi perah. Karakteristik reproduksi, umur kawin pertama, jumlah *service per conception*, *open day* dan *calving interval* menjadi dasar penentuan peternakan sapi yang menguntungkan. Umur kawin dan beranak pertama sangat dipengaruhi oleh ketinggian (dalam kaitannya dengan suhu lingkungan), dimana umur kawin dan beranak pertama sapi lebih lambat di dataran rendah. Heritabilitas sifat-sifat ini biasanya rendah, termasuk kondisi dan pengelolaan pakan serta faktor lingkungan memainkan peran penting dalam variabilitas

Hadirin yang saya hormati,

Di Indonesia, persilangan sapi banyak dilakukan melalui inseminasi buatan. Kegiatan ini telah dikenal di Indonesia sejak tahun 1953, dan sejak tahun 1980-1990 banyak dilakukan dengan menggunakan semen dari beberapa sapi taurin asing yang pertumbuhan dan bobot tubuhnya relatif lebih tinggi. Namun sampai saat ini tujuan program inseminasi buatan belum jelas, apakah akan menjadi ternak komposit, *terminal cross*, atau ternak

komersial. Banyak peternak dibantu oleh petugas dalam menjaga kualitas ternak dengan menyilangkan sapi lokal dengan sapi Simmental atau Limousin. Peternak sapi seperti ini, biasanya karena ingin mendapatkan harga keturunan jantannya sangat tinggi, padahal sapi lokal tersebut berubah menjadi jenis sapi besar yang membutuhkan pakan banyak. Pada kondisi kekurangan hijauan, sapi persilangan menjadi kurus, kondisi tubuh buruk, dan menurunnya performa reproduksi, seperti tingginya jumlah *service per conception*, lamanya *calving interval*, dan rendahnya kualitas pedet. Kondisi ini diiringi dengan rendahnya produksi susu dan tingginya angka kematian anak sapi. Pada kondisi pemeliharaan yang baik, performa reproduksi sapi persilangan tetap baik. Sedangkan pada sapi lokal, kondisi kekurangan hijauan hanya menyebabkan badannya kurus, namun masih mampu birahi, berovulasi dan bunting. Secara kuantitas dan kualitas, hijauan pakan merupakan salah satu kunci penting agar kondisi sapi persilangan tetap baik dan produktif (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Interaksi genotipe dan faktor lingkungan dapat diamati sejak beranak pertama dan laktasi pertama pada sapi perah. Sebagai contoh, sapi PO menunjukkan konsumsi pakan yang lebih rendah, laju pertumbuhan yang lebih rendah serta *body condition score* (BCS) yang lebih rendah dibandingkan sapi peranakan Limpo (keturunan limousine-PO). Hal ini menunjukkan bahwa pada kondisi tropis, jenis sapi mempengaruhi laju pertumbuhan. Sebaliknya kemampuan mengunyah sapi peranakan Limousin lebih baik dibandingkan dengan PO. Pada sapi perah FH, umur laktasi pertama mempengaruhi total produksi susu pada laktasi kedua dan ketiga. Usia pertama kali beranak dan pertama kali menyusui menyebabkan rendahnya produksi ASI pada laktasi berikutnya. Jenis sapi tidak berpengaruh terhadap variabel ini, bahkan sapi PO di dataran rendah menunjukkan umur kawin dan umur

beranak pertama lebih lambat. Hal ini disebabkan oleh perbedaan tingkat respon genetik terhadap kondisi lingkungan yang kritis akibat rendahnya konsumsi pakan dan BCS. Rendahnya BCS pada sapi menyebabkan rendahnya performa reproduksi termasuk umur pertama kawin dan pertama kali melahirkan (Sutarno and Setyawan, 2015a mengutip dari berbagai sumber).

Hadirin yang saya hormati,

KESIMPULAN

Apa yang dapat disimpulkan dari studi biokimia molekuler dikaitkan dengan pelestarian sapi lokal untuk kesejahteraan peternak di Indonesia adalah pentingnya melakukan evaluasi kebijakan perkawinan silang karena selama ini merupakan jalan pintas untuk mencapai swasembada daging dan susu, akan tetapi kenyataannya antara pasokan dan permintaan dari tahun ke tahun tetap saja tidak terpenuhi. Selain itu perkawinan silang di samping memiliki dampak positif ternyata juga memiliki dampak negatif seperti penambahan ukuran dan bobot yang lebih tinggi dibandingkan sapi lokal namun membutuhkan biaya pemeliharaan yang lebih tinggi, dikhawatirkan memiliki daya tahan iklim dan kemampuan reproduksi yang juga lebih rendah dibandingkan sapi lokal yang ada sehingga tidak dapat meningkatkan kesejahteraan bahkan membebani peternak.

REKOMENDASI

Oleh karena itu diperlukan adanya evaluasi kebijakan di bidang peternakan berbasis pada pengembangan penanda DNA dan gen spesifik seperti minisatelit, mikrosatelit, allozyme, dan mtDNA serta perlu dilakukan sosialisasi pemahaman terhadap keanekaragaman, karakteristik, dan pemanfaatan sumber daya genetik lokal di wilayah tersebut. Indonesia mempunyai cukup

banyak sapi lokal, beberapa di antaranya mempunyai performa yang sangat memuaskan dan mampu beradaptasi dengan baik terhadap iklim kering, pakan ternak yang terbatas, serta terhadap berbagai penyakit. Diharapkan melalui program *smart breeding* maka pelestarian sapi lokal unggul akan membawa peningkatan kesejahteraan peternak serta menuju swasembada daging di Indonesia.

Hadirin yang saya hormati,

Sebelum mengakhiri pidato ini, perkenankan saya menyampaikan terima kasih kepada Pemerintah Republik Indonesia melalui Menteri Pendidikan dan Kebudayaan, Riset dan Teknologi Republik Indonesia, dan Direktur Jenderal Perguruan Tinggi Kemendikbud-Ristek yang telah memberikan kepercayaan kepada saya mengemban jabatan guru besar bidang ilmu Biokimia Molekuler. Rasa syukur dan hormat saya haturkan kepada Rektor Universitas Airlangga, Prof. Dr. Mohammad Nasih, SE., M.T. Ak., M.A, terima kasih atas bimbingan, semangat dan bantuan serta dukungan pengusulan dan persetujuan pengangkatan saya sebagai guru besar. Kepada para Wakil Rektor, Prof. Dr. Bambang Sektiari Lukiswanto, drh., DEA; Prof. Dr. Muhammad Madyan, SE., M.Si.; Prof. Dr. Ni Nyoman Puspaningsih, Dra., M.Si, dan Prof. Miftahussurur, dr., M.Kes., Sp. PD-KGEH., PhD, FINASIM, saya mengucapkan terima kasih atas dukungan terhadap usulan pengangkatan guru besar saya. Dengan kerendahan hati saya mengucapkan terima kasih kepada Ketua Senat Akademik Universitas Airlangga, Prof. Djoko Santoso, dr., Ph.D., Sp.PD(K)-GH., FINASIM dan Sekretaris Senat Akademik, Prof. Dr. Mustain Mashud, Drs., M.Si, beserta seluruh anggota yang telah banyak membantu, mengusulkan dan menyetujui pengangkatan saya sebagai guru besar. Terima kasih saya ucapkan kepada Sekretaris

Universitas Airlangga, Dr. Koko Srimulyo, Drs., M.Si yang telah memberikan dukungan, semangat, motivasi dan persetujuan pengusulan pengangkatan saya sebagai guru besar. Ucapan terima kasih saya haturkan kepada Prof. Dr. Dwi Setyawan, S.S., M.S., Apt., dan Tim PAK Universitas serta Tim PAK fakultas atas jerih lelah yang sudah menilai usulan guru besar saya. Saya mengucapkan terima kasih kepada Direktorat Sumber Daya Manusia Universitas Airlangga, Prof. Dr. Endang Dewi Masithah, Ir., M.P., beserta jajarannya yang telah meluangkan waktu, tenaga, pikiran untuk memberikan dukungan, perhatian dan bantuan dalam proses pengusulan guru besar saya. Tidak lupa saya berterima kasih kepada Prof. Dr. Anita Yuliati, drg., M.Kes dan Prof. Dr. Indri Safitri, dr., M.S yang telah dengan sabar membimbing dalam proses pengumpulan angka kredit usulan guru besar. Demikian pula rasa terima kasih saya ucapkan kepada Prof. Bambang Sektiari Lukiswanto, drh., DEA dan Prof. Dr. Imam Moestofa, drh., M.Kes yang telah menilai PAK guru besar saya.

Yang saya hormati Dekan Fakultas Kedokteran Hewan, Prof. Dr. Mirni Lamid, drh., MP yang telah mendukung, memberi semangat, menilai dan menyetujui usulan guru besar saya serta memberi kesempatan untuk terus berkarya. Terima kasih. Demikian pula saya mengucapkan terima kasih kepada para wakil dekan, Dr. Rimayanti, drh., M.Kes., Prof. Dr. Iwan Sahrial Hamid, drh., M. Si dan Prof. Dr. Mustofa Helmi Effendi, drh., DTAPH yang telah mendukung usulan guru besar saya. Kepada ketua departemen ilmu kedokteran hewan, Prof. Dr. Widjiati, drh., M.Si beserta sekretaris departemen Prof. Dr. Tita Damayanti Lestari, drh., M.Sc. terima kasih sudah memfasilitasi, memudahkan usulan guru besar saya. Terima kasih saya ucapkan kepada koordinator program studi pendidikan sarjana dokter hewan Prof. Dr. Lilik Maslachah, drh., M.Kes, koordinator program studi pendidikan profesi dokter hewan Yuliana Puspitasari, drh.,

MVSc., Ph.D serta ketua divisi ilmu kedokteran dasar veteriner Dr. Rochmah Kurnijasanti, drh., M.S atas kesempatan berkembang dan belajar.

Terima kasih kepada Direktur Kemahasiswaan Prof. Dr. M. Hadi Shubhan, S.H., M.H., CN serta Direktur kemahasiswaan sebelumnya Prof. Dr. Ismudiono, drh., M.S., Prof. Dr. Imam Mustofa, drh., M.Kes., Dr. Koko Srimulyo, Drs., M.Si., dan Dr. Eko Supeno, drs., M.Si., yang sudah memberikan kesempatan terlibat membina kegiatan kemahasiswaan khususnya dalam program kreativitas mahasiswa. Demikian pula terima kasih kepada tim pembina kemahasiswaan Universitas Airlangga sejak 2007 hingga sekarang yang tidak dapat disebutkan satu persatu dan telah mengajarkan tentang semangat pengabdian untuk almamater melalui kegiatan kemahasiswaan.

Terima kasih pula kepada ketua pusat informasi dan humas periode 2015-2020 Dr. Suko Widodo, Drs., M.Si., ketua pusat inovasi pembelajaran dan sertifikasi periode 2017-2020 Yuni Sari Amalia, SS., MA., Ph.D, ketua lembaga ilmu hayati, teknik dan rekayasa periode 2020- sekarang Andi Hamim Zaidan, S.Si., Ph.D serta ketua Lembaga penelitian dan pengabdian Masyarakat Dr. Gadis Meinari Sari, dr., M.Kes yang selalu mendorong untuk menjadi lebih baik dan belajar lebih banyak.

Terima kasih kepada ketua lembaga penyakit tropis periode 2005-2015 Prof. Dr. Nasronudin, dr., Sp.PD., KPTI-FINASIM serta ketua lembaga penyakit tropis periode 2015-sekarang Prof. Dr. Maria Inge Lusida, dr., M.S., Ph.D yang telah memberikan kesempatan belajar mengelola riset dan layanan.

Kepada para dosen dan guru besar Fakultas Kedokteran Hewan Universitas Airlangga atas kerjasama dan semangat dalam mengemban tugas dan panutan, demikian juga kepada. Kepala bagian tata usaha, para kepala sub-bagian dan tenaga kependidikan

yang sudah mendukung, memfasilitasi dan menyediakan keperluan dalam proses belajar mengajar.

Terima kasih. Kepada sahabat-sahabat SD, SMP, SMA, dan teman-teman masa kuliah yang tidak bisa saya sebut satu persatu. Terima kasih untuk persahabatan hangat dan penuh ketulusan.

Guru-guru saya SD YPPK Padma Manokwari-Papua Barat, SMP Negeri. 1 Manokwari-Papua Barat dan SMA Negeri. 415 Manokwari-Papua Barat, terima kasih untuk cinta kasih dan didikan hingga saya menjadi seorang guru besar.

Hadirin yang saya hormati,

Akhirnya saya berterima kasih kepada seluruh kakak saya, Ir. F.H. Listyorini, S.U., I Tantri Dewanti, Dra., M.M., A. Hari Agung Prasetyo, BA., Dr. B.T. Rudy Prabantoro, dr., SpOG., Ir. C.L. Saptarini, M.M., Ir. Dionisius Tri Arry Bramantoro dan F. Lily Rahayu Prabaningrum yang tetap saling memberi semangat dan dukungan. Jabatan tertinggi akademik ini saya persembahkan untuk istri saya yang tercinta M.M. Poedjisetianingsih, Dra., M.Pd., anak anaku tersayang Patricia Mayang Putri, S.T., M.T dan Andrea Kania Putri. Juga kepada orang tua hebat saya Alm. Yakobus Tartookidjo dan Alm Magdalena Soemarmine karena semangat, ketulusan, keiklasan yang tidak pernah lelah serta penuh cinta sebagai pendidik pada daerah terpencil dengan segala keterbatasan harus terus berinovasi demi mencerdaskan masyarakat Papua hingga akhir hayatnya, telah menjadi inspirasi dan motivasi saya untuk mencintai profesi pekerjaan, semangat mengabdikan yang terbaik dan berbagi untuk sesama.

Semoga Tuhan yang Maha Esa senantiasa melindungi saya dalam menjalankan Amanah ini. Amin

REFERENSI

- Blakely, J.; and Bade, DH. 1998. The Science of Animal Husbandry. 8th ed. Prentice-Hall, Inc. New York.
- BPS. 2014. Preliminary figures of 2013 Agricultural Census Results. BPS, Jakarta. st2013.bps.go.id [2 Oktober 2015].
- Burrow, H. 2019. Strategies for increasing beef cattle production under dryland farming systems. *Wartazoa*, 29. pp. 161-170.
- Burrow, H.M.; Moore, S.S.; Johnston, D.J.; Barendse, W.; Bindon, B.M. 2001. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: A review. *Aust. J. Exp. Agric.* 41. pp. 893-919.
- Copland, JW. 1996. Bali Cattle: Origins in Indonesia. In *Proceedings of the Jembrana Disease and the Bovine Lentiviruses*; Wilcox, G.E., Soeharsono, S., Dharma, D.M.N., Copland, J.W., Eds.; ICAR: Canberra, Australia. pp. 29-33.
- DGLS [Director General of Livestock Services]. 2010. Blue Print of Self-Sufficiency Beef Program in 2014. Director General of Livestock Services, Jakarta.
- DGLSAH [Director General of Livestock Services and Animal Health]. 2014. Preliminary figures of Population and Livestock Production in Indonesia in 2014. Director General of Livestock Services and Animal Health, Jakarta.
- Friedrich, J.; Brand, B.; Schwerin, M. 2015. Genetics of cattle temperament and its impact on livestock production and breeding-a review. *Archiv Fur Tierzucht* .58. pp.13-21.
- Haig, SH. 1998. Molecular contribution to conservation. *Ecology*. 79(2), pp. 413-425.
- Kikkawa, Y.; Amano, T.; Suzuki, H. 1995. Analysis of genetic diversity of domestic cattle in East and Southeast Asia in terms of variations in restriction sites and sequences of mitochondrial DNA. *Biochemical Genetics*. 33. pp.1-60.
- Lenstra, JA.; Ajmone-Marsan, P.; Beja-Pereira, A.; Bollongino, R.; Bradley, DG. *et al.* 2014. Meta-analysis of mitochondrial DNA reveals several population bottlenecks during worldwide migrations of cattle. *Diversity*. 6(1). pp.178-187.
- Mohamad, K.; Olsson, M.; van Tol, HTA.; Mikko, S.; Vlamings, BH.; *et al.* 2009. On the origin of Indonesian cattle. *PLos One*. 4(5).

- Nozawa, K. 1979. Phylogenetics studies on the native Domestic animals in East And Southeast Asia. Proceeding of Workshop Animals Genetics Resources in Asia and Oceania. Tsakuba, 3-7 September 1979. Society for the Advancement of Breeding Researches in Asia and Oceania (SABRAO). pp.23-43.
- Okumura, T.; Saito, K.; Sakuma, H.; Nade, T.; Nakayama, S.; Fujita, K.; Kawamura, T. 2007. Intramuscular fat deposition in principal muscles from twenty-four to thirty months of age using identical twins of Japanese Black steers. *J Anim Sci* .85(8). pp.1902-1907.
- Pamungkas, D.; Antari, R.; Mayberry, DE.; Poppi, DP. 2012. A Growth Comparison of Ongole and European Cross Cattle kept by Smallholder Farmers in Indonesia. Proceeding of the 15th Asian- Australian Animal Production (AAAP) Congress, Bangkok, Thailand, Bangkok, Thailand, November 2012.
- Rocha, JL.; Baker, JF.; Womack, JE.; Sanders, JO.; Taylor, JF. 1992. Statistical associations between restriction fragment length polymorphism and quantitative traits in beef cattle. *J Anim Sci*.70. pp. 3360-3370.
- Rohaeni, ES.; Sumantri, I.; Yanti, ND.; Hadi, SN.; Hamdan, A.; Chang, C. 2019. Understanding the farming systems and cattle production in Tanah Laut, South Kalimantan. In-*Proceedings of the IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, Yogyakarta, Indonesia, 23–25 September 2019. Volume.387.
- Schlee, P.; Graml, R.; Rottmann, O.; Pirchner, F. 1994a. Influence of Growth-Hormone genotypes on breeding values of Simmental Bulls. *Zeitschrift fur Tierzuchtung und Zuchtungsbiologie* 111. pp.253-256.
- Schlee, P.; Graml, R.; Schallenberger, E.; Schams, D.; Rottmann, O.; Olbrichbludau, A.; Pirchner, F. 1994b. Growth Hormone and insulin like growth Factor I concentrations in bulls of various growth hormone genotypes. *Theor Appl Genet*. 88. pp. 497-500.
- Sodhi, M.; Mukesh, M.; Prakash, B.; Ahlawat, SPS.; Sobti, RC. 2006. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Tharparkar breed of Indian zebu (*Bos indicus*) cattle, a major breed of Rajasthan. *Genetics*. 85. pp.165-170.

- Sudrajad, P.; Subiharta, S.; Adinata, Y.; Lathifah, A.; Lee, JH.; Lenstra, JA.; Lee, SH. 2020. An insight into the evolutionary history of Indonesian cattle assessed by whole genome data analysis. *Plos One*.15(11). pp.1-1.
- Sutarno. 1998. Candidate Gene Marker for Production Traits in Beef Cattle. [Ph.D. Dissertation], Murdoch University, Perth, Australia.
- Sutarno. 2003. Selection for obtaining Local Beef Cattle of Indonesia types of Benggala that Superior in Meat Production through Molecular Genetic Technology. Final Research Reports of RUT-IX, Research Institute, Sebelas Maret University, Surakarta.
- Sutarno. 2006. Use of Molecular Techniques for Improving Nature of Animal Production. Inaguration of Professorship speech in the field of Molecular Genetics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, University of Sebelas Maret in the Senate Open Meeting of University of Sebelas Maret, on March 18.
- Sutarno. 2010. Genetic variation among Indonesian native cattle breeds based on polymorphisms analysis in the growth hormone loci and mitochondrial DNA. *Biodiversitas*. 11. pp. 1-5.
- Sutarno.; and Junaidi, A. 2001. Identification and characterization of bovine growth hormone gene and mitochondrial DNA variations of Indonesian native cattle. *Proceeding of ITSF One Day Seminar on Science and Technology January 29 th 2001*, Hilton International Hotel, Jakarta.
- Sutarno.; Lymbery, AJ.; Thompson, RCA.; Cummins, JM. 1996. Associations Between Growth Hormone Genotypes and Estimated Breeding Values for Pre weaning Growth of Beef Cattle. *Proceeding of the 13th International Congress on Animal Reproduction*, Darling Harbour Convention Centre, Sydney, Australia, June 30-July 4, 1996.
- Sutarno and Setyawan, AD. 2015a. Review: Genetic diversity of local and exotic cattle and their crossbreeding impact on the quality of Indonesian cattle. *Biodiversitas*. Vol.16(2). pp.327-354.
- Sutarno and Setyawan, AD. 2015b. Diversity of local Indonesian cattle and effort to development the superior cattle. *International Conference of*

- Biodiversity and Sustainable Industry, University of Sebelas Maret, Surakarta, 5-6 November 2015.
- Sutarno and Setyawan, AD. 2016. Review: The diversity of local cattle in Indonesia and the efforts to develop superior indigenous cattle breeds. *Biodiversitas*. 17. pp.275–295.
- Sutarno.; Cummins, JM.; Greeff, J.; Lymbery, AJ. 2002a. Mitochondrial DNA polymorphisms and fertility in beef cattle. *Theriogenology* 57. pp.: 1603-1610.
- Sutarno.; Junaidi, A.; Tappa, B. 2002b. Growth hormone gene variations and meat production (growth) of Indonesian local cattle. Proceeding of the 3rd International Seminar on Tropical Animal Production, October 15-16, 2002, Faculty of Animal Science, Gadjah Mada University, Yogyakarta.
- Sutarno.; Junaidi, A.; Tapa, B. 2003 Selection to Acquire Local Beef of Indonesia, which Superior in Meat Production (growth) through a Selection based on the Gene Markers of Growth Hormone Gene. Reports of RUT-VIII, Research Institute, University of Sebelas Maret, Surakarta.
- Uzzaman, MR.; Bhuiyan, MSA.; Edea, Z.; Kim, KS. 2004. Semi-domesticated and Irreplaceable Genetic Resource Gayal (*Bos frontalis*) Needs Effective Genetic Conservation in Bangladesh: A Review. *Asian Austr J Anim Sci* 27(9). pp.1368-1372.
- Wangkumhang, P.; Wilantho, A.; Shaw, PJ.; Flori, L.; Moazami-Goudarzi, K.; *et al.* 2015. Genetic analysis of Thai cattle reveals a Southeast Asian indicine ancestry. *PeerJ*. 3: e1318.
- Widyas, N.; Widi, TSM.; Prastowo, SS.; Sumantri, I.; Hayes, BJ.; and Burrow, HM. 2022. Promoting sustainable utilization and genetic improvement of Indonesian local beef cattle breeds: A Review. *Agriculture*. 12.1566. pp.1-25.
- Williamson, G.; and Payne, WJA. 1980. An introduction to animal husbandry in the tropics. Tata McGraw-Hill Pub. Co. Ltd, New Delhi, India.

B. Riwayat Pendidikan

Pendidikan Dasar, Menengah dan Tinggi (S1-S3)

Tahun 2005	MIPA, PPs-Unair (S3)
Tahun 1996	Biokimia, Ilmu Kedokteran Dasar, PPS Unair (S2)
Tahun 1991	FKH, Universitas Airlangga. Surabaya-Jatim (Sarjana/Profesi)
Tahun 1985	SMA. Negeri 415. Manokwari-Papua Barat
Tahun 1982	SMP. Negeri 1 Manokwari-Papua Barat
Tahun 1979	SD. YPPK Padma, Manokwari-Papua Barat

C. RIWAYAT PANGKAT DAN JABATAN

Tahun 2023	Guru Besar
Tahun 2007	Lektor Kepala
Tahun 1999	Lektor
Tahun 1996	Asisten Ahli
Tahun 1994	PNS
Tahun 1992	CPNS

D. Pendidikan Tambahan: Pelatihan/Lokakarya/ Simposium

Tahun 2017	Research Reviewer Training Certification Use Standardized Methods of SNI 17024:2012 (Komite Akreditasi Nasional-Ristekdikti- Quantum HRM Internasional)
Tahun 2015	Pelatihan Audit Internal Mutu laboratorium SNI ISO/ IE 17025:2008 (Dir. Belmawa-Ristekdikti)
Tahun 2015	Pelatihan Pemahaman Dasar Sistem Manajemen Mutu Laboratorium SNI ISO/IEC 17025:2008 (Dir. Belmawa- Ristekdikti)
Tahun 2014	Workshop Good Laboratory Practice (GLP) (APKESI)

Tahun 2012	Bimbingan Teknis Pengelolaan Laboratorium Sains ISO/IEC 17025 Perguruan Tinggi (Dir. Belmawa-Ristekdikti)
Tahun 2011	Course and Workshop Good Clinical Practice (GCP) (APKESI).
Tahun 2011	Pelatihan Pemahaman SNI ISO/IEC 17025:2008 Badan Standardisasi Nasional (BSN)
Tahun 1999	Biologi Molekuler di Kobe University, Jepang (JSPS)

E. Publikasi Karya Ilmiah Melalui Jurnal

Tahun 2023	Eduardus Bimo Aksono , Mirni Lamid, Rimayanti Rimayanti, Iwan Sahrial Hamid, Mustofa Helmi Effendi, Fedik Abdul Rantam, Widjiati Widjiati, Mufasirin Mufasirin, Heni Puspitasari, Munawaroh Fitria, Nur Syamsiatul Fajar, Lucia Tri Suwanti, Nurdianto Nurdianto, Andi Hamim Zaidan, Yuta Kanai, and Teguh Hari Sucipto. 2023. Designing one-step reverse transcriptase loop-mediated isothermal amplification for serotype O foot-and-mouth disease virus detection during the 2022 outbreak in East Java, Indonesia. <i>Veterinary World</i> . Vol.16(15). pp. 1889-1896.
Tahun 2023	Eduardus Bimo Aksono , Kania Rifa Iradatya, Teguh, Hari Sucipto, Nur Syamsiatul Fajar, Wiwik Misaco Yuniarti. 2023. Phylogenetic analysis of feline infectious peritonitis virus, feline enteric coronavirus, and severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 of cats in Surabaya, Indonesia. <i>Veterinary World</i> . Vol.16(1). pp. 76-81.
Tahun 2022	Eduardus Bimo Aksono , Aprilia Cahya Latifah, Lucia Tri Suwanti, Kautsar Ul Haq, Herinda Pertiwi. 2022. Clove Flower Extract (<i>Syzygium aromaticum</i>) Has Anticancer Potential Effect Analyzed by Molecular Docking and Brine Shrimp Lethality Test (BSLT). <i>Veterinary Medicine International</i> . Vol. 2022. pp.1-7.

-
- Tahun 2022 **E.B. Aksono**, T.D.K. Wungu, C.H. Wijaya, R.R.F. Sarassina, N. Hidayatik, H. Pertiwi and N. Puspitasari. 2022. Differences effect of red and big white ginger extract as anti-inflammatory agents by In vitro Ecology, Environment and Conservation. Vol.28 (February Suppl. Issue). pp. S79-S84.
-
- Tahun 2022 Muhammad Rizqi Pratama, Sri Mulyati, Sri Pantja Madyawati, Dewa Ketut Meles, **Eduardus Bimo Aksono Herupradoto**, Epy Muhammad Luqman. 2022. The effect of Alphania galanga extract to seminiferous tubular epithelial thickness and seminiferous tubular diameter of male mice induced to lead acetate. *International Journal of Scientific Advances*. Vol 3(3). pp. 403-407.
-
- Tahun 2021 Wungu, T.D.K, Adhika, D.R, Yusfi, M, Anindya, A.L, **Aksono, E.B**, Sarassina, R.R.F, Wijaya, C.H, Suprijadi. 2021. Synthesis, characterisation, and density functional theory study of encapsulated bioactive components of ginger. *Pertanika Journal of Science and Technology*. Vol. 29(4). pp.2645-2657.
-
- Tahun 2020 **Eduardus Bimo Aksono**, Katty Hendriana Priscilla Riwu, A. T Soelih Estoepangestie, and Herinda Pertiwi. 2020. Phylogenetic Analysis and Antibiotics Resistance of *Listeria Monocytogenes* Contaminating Chicken Meat in Surabaya, Indonesia. *Veterinary Medicine International*. Vol. 2020. pp.1-7.
-
- Tahun 2020 Pramudianto, B.W, Sarudji, S, Sugihartuti, R, Handijanto, D, Tyasningsih, W, **Aksono, E.B**. 2020. The biosurfactant activity of supernatant fermentation broth isolates bacterial origin of surabaya's wonorejo mangrove sediment and its potential as an antifungal against candida albicans atcc 10231. *Ecology, Environment and Conservation*. Vol. 26(2). pp.S327-S332.
-

Tahun 2020	Rizka Fathoni Perdana, Sri Herawati, Eduardus Bimo Aksono Herupradoto , Bakti Surarso. 2020. Correlation of Aggressivity Papilloma Recurrent Respiratory Tract With Human Papillomavirus Types 6 and 11. <i>Medico-Legal Update</i> . Vol. 20(1). pp.471-476.
Tahun 2020	Setyaningrum, T.D, Koesdarto, S, Yustinasari, T.R, Kusnoto, Yunus, M, Aksono, E.B. 2020. Correlation between muara grouper fish weight (<i>Epinephelus coioides</i>) with anisakis worm infection level in Mayangan Indonesia. <i>Ecology, Environment and Conservation</i> . Vol. 26(2).pp.S221-S224.
Tahun 2019	Eduardus Bimo Aksono Herupradoto , Kadek Rachmawati, Retno Bijanti, Herinda Pertiwi. 2019. Identification of Legionella pneumophila serogroups as Zoonotic Disease Agent Distributed in Water Sources of East Java. <i>Indian Veterinary Journal</i> .Vol.96(12). pp.17-19.
Tahun 2019	Hamid, I.S, Aksono, E.B , Sukmanadi, M, Purnama, M.T.E. 2019. Antiangiogenesis activity test of tin leaf (<i>Ficus carica L.</i>) on the number of blood vessels and VEGF expression of chorioallantoic membrane of embryonated chicken eggs. <i>European Journal of Oncology Pharmacy</i> . Vol 4(1). pp.1-5.
Tahun 2018	Effendi, M.H, Bintari, I.G, Aksono, E.B , Hermawan, I.P. 2018. Detection of bla _{TEM} Gene of Klebsiella pneumoniae isolated from swab of food-producing animals in East Java. <i>Tropical Animal Science Journal</i> . Vol. 41(3), pp.174-178.
Tahun 2018	Eduardus Bimo Aksono and Hari Suprpto. 2018. The increase of survival rate of shrimp <i>Penaeus monodon</i> after administrated with VP28. <i>International Journal of Fisheries and Aquatic Studies</i> . Vol.6(5). pp.380-385

E. Penulisan Buku

Tahun 2023	Kadek Rachmawati, E. Bimo Aksono H.P , Chairul Anwar Nidom, Setiawati Sigit, Nove Hidajati. Buku Ajar: Biokimia Veterinar I. Tahun Terbit: 2023. Penerbit: Duta Persada Press. ISBN: 978-602-7924-07-9. Halaman 1-128.
Tahun 2023	Muchammad Yunus, Pudji Srianto, Eduardus Bimo AH , Emy Koestanti Sabdoningrum, Gandul Atik Yuliani. Buku Ajar: Ilmu Penyakit Satwa (Lingkungan, Kualitas Air, Patogen). Tahun Terbit: 2023. Penerbit: Numerasia. ISBN: 978-623-88484-2-3. Halaman: 1-77.

F. Pembicara/Seminar/Kuliah Tamu 5 Tahun Terakhir

Tahun 2023	Sebagai pembicara dan fasilitator PEKERTI Plus bagi dosen di Universitas Kristen Petra. Surabaya, 9-24 September 2023.
Tahun 2023	Sebagai narasumber workshop implementasi perguruan tinggi (PUI-PT)/COE, case method problem based learning (PBL) pada kurikulum outcome based education (OBE) di Universitas Malikussaleh, Aceh. Bukit Indah, 6-7 Juli 2023.
Tahun 2019	Sebagai narasumber pelatihan applied approach di Universitas Kristen Indonesia. Jakarta, 11-15 Nopember 2019.
Tahun 2019	Sebagai narasumber workshop etik penelitian yang mengguna-kan hewan di Universitas Katolik Widya Mandala Surabaya. Surabaya, 23 April 2019.
Tahun 2019	Sebagai narasumber seminar etika penggunaan hewan coba dan manajemen komisi etik hewan di Universitas Nusa Cendana. Kupang, 10 Desember 2019.
Tahun 2018	Sebagai narasumber workshop penggunaan hewan uji untuk penelitian farmasi di Jurusan Farmasi Poltekkes Makasar. Makasar, 3 Nopember 2018.

G. Penelitian 5 Terakhir

-
- Tahun 2023 **Eduardus Bimo Aksono H**, Andi Hamim Zaidan, Emy Koestanti Sabdoningrum. Peningkatan kapasitas produksi tambak udang melalui hilirisasi inovasi teknologi spektral dan sinar UV di tambak udang PT. Koyo Segoro Endah Desa Besuki- Tulungagung. Tahun: 2023. Sumber Dana: Matching Fund Kemdikbud-Ristek.
-
- Tahun 2022 **Eduardus Bimo Aksono H**. Kit diagnostic cepat penyakit mulut dan kuku (PMK): Reverse Transcriptase-Loop Mediated Isothermal Amplification (RT-LAMP). Tahun: 2022. Sumber Dana: Pengabdian Masyarakat Pengendalian PMK di Kabupaten Gresik dan Kabupaten Lamongan FKH-Universitas Airlangga.
-

