

Identifikasi Keragaman Kerbau Lokal Berdasarkan Mikrosatelit Locus CSSM038 di Kabupaten Dompu

Eva Amalia Pertiwi^{1*}, Luluk Lailatun Nurjannah¹, Ikhwan Firhamsah¹, Ica Ayu Wandira¹, Ine Karni¹, M. Ridwan Saedi¹, Fadhil Muharram², Fitri Yunitasari³

¹ Program Studi Peternakan, Fakultas Peternakan, Universitas Mataram, Mataram, Indonesia

² Program Studi Peternakan, Fakultas Pertanian, Universitas Mulawarman, Samarinda, Indonesia

³ Program Studi Peternakan, Fakultas Peternakan, Universitas Jendral Soedirman, Purwokerto, Indonesia

*eva04amalia@staff.unram.ac.id

INFORMASI ARTIKEL

Diterima 14 Juli 2025
Hasil revisi diterima 29
Oktober 2025
Accepted 30 Oktober 2025
Diterbitkan 04 Desember
2025

Kata-kata kunci:
Kerbau lokal;
Mikrosatelit;
Keragaman genetik;
CSSM038;
Dompu;

DOI: 10.47030/trolija.v5i2.993

ABSTRAK

Kerbau lokal Dompu di kawasan Doroncanga, Nusa Tenggara Barat, merupakan sumber daya genetik penting yang berperan dalam sistem pertanian tradisional dan ekonomi masyarakat setempat. Namun, informasi mengenai keragaman genetiknya masih terbatas, padahal data tersebut sangat diperlukan untuk mendukung program pemuliaan dan konservasi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi tingkat keragaman genetik kerbau lokal berdasarkan analisis mikrosatelit locus CSSM038 menggunakan teknik *polymerase chain reaction* (PCR). Sebanyak empat puluh sampel darah kerbau lokal yang sehat secara klinis diambil secara *purposive sampling* dari peternakan rakyat di Doroncanga, Kabupaten Dompu. DNA hasil ekstraksi diamplifikasi menggunakan primer spesifik CSSM038 dan divisualisasikan melalui elektroforesis gel agarosa 1,5 persen. Analisis frekuensi alel dan genotipe dilakukan untuk menentukan tingkat variasi genetik antar individu. Hasil penelitian menunjukkan bahwa seluruh sampel memiliki genotipe homozigot AA dengan frekuensi alel A sebesar seratus persen, yang menandakan locus CSSM038 bersifat monomorfik pada populasi kerbau lokal Dompu. Kondisi ini mengindikasikan rendahnya keragaman genetik yang diduga dipengaruhi oleh ukuran populasi efektif yang kecil, isolasi geografis, serta pola perkawinan tidak terarah di tingkat peternakan rakyat. Kesimpulannya, populasi kerbau lokal Doroncanga menunjukkan homogenitas genetik pada locus CSSM038, sehingga diperlukan penelitian lanjutan menggunakan penanda genetik lain dan cakupan wilayah yang lebih luas untuk memperoleh gambaran komprehensif mengenai struktur genetik kerbau lokal di Nusa Tenggara Barat serta sebagai dasar penyusunan strategi konservasi genetik yang berkelanjutan.

ARTICLE INFO

Article history:
Received 14 July 2025
Received in revised form
29 October 2025

ABSTRACT

The Dompu local buffalo in the Doroncanga area, West Nusa Tenggara, is an important genetic resource that plays a role in the traditional agricultural system and the local economy. However,

Accepted 30 October 2025
Available online 04
December 2025

Key words:
Local buffalo;
Microsatellites;
Genetic diversity;
CSSM038;
Dompur;

DOI: 10.47030/trolj.v5i2.993

information on its genetic diversity is still limited, even though such data is essential to support breeding and conservation programs. This study aims to identify the level of genetic diversity of local buffalo based on microsatellite analysis of the CSSM038 locus using the polymerase chain reaction (PCR) technique. We collected a total of 40 clinically healthy local buffalo blood samples from smallholder farms in Doroncanga, Dompur Regency, using purposive sampling. We amplified the extracted DNA using CSSM038-specific primers and visualized it using 1.5% agarose gel electrophoresis. Allele and genotype frequency analyses were performed to determine the level of genetic variation between individuals. The results showed that all samples had the AA homozygous genotype with an A allele frequency of 100%, indicating that the CSSM038 locus is monomorphic in the Dompur local buffalo population. This condition indicates low genetic diversity, which is likely influenced by a small effective population size, geographic isolation, and undirected mating patterns at the smallholder farm level. In conclusion, the CSSM038 locus reveals genetic homogeneity in the Doroncanga local buffalo population. Therefore, further research using other genetic markers and a wider geographic coverage is needed to obtain a comprehensive picture of the genetic structure of local buffalo in West Nusa Tenggara and as a basis for developing sustainable genetic conservation strategies.

PENDAHULUAN

Provinsi Nusa Tenggara Barat (NTB) merupakan salah satu wilayah di Indonesia yang memiliki populasi kerbau cukup tinggi, yaitu mencapai 149.644 ekor pada tahun 2013, dan menempati posisi ketiga nasional setelah Provinsi Aceh dan Nusa Tenggara Timur (Ditjenak, 2016). Seluruh populasi kerbau di NTB merupakan kerbau lumpur (*swamp buffalo*) yang dikenal memiliki kemampuan adaptasi yang baik terhadap kondisi lingkungan tropis. Kabupaten Dompur merupakan salah satu daerah dengan populasi kerbau terbesar di NTB, mencapai 20.294 ekor pada tahun 2014 (Husni, 2018). Dalam bahasa lokal, kerbau dikenal dengan sebutan *Sahe* dan berperan penting dalam sistem pertanian tradisional masyarakat, khususnya sebagai tenaga pengolah lahan pertanian dan sumber pendapatan tambahan bagi peternak.

Kerbau lokal di NTB memiliki fungsi ganda, baik sebagai tenaga kerja maupun sebagai sumber ekonomi masyarakat pedesaan. Namun, dalam beberapa tahun terakhir, mutu genetik ternak ini mengalami

penurunan yang cukup signifikan. Hal ini disebabkan oleh seleksi negatif, di mana peternak lebih memilih menjual individu dengan performa unggul dan mempertahankan ternak dengan kualitas rendah sebagai bibit. Kondisi tersebut diperburuk oleh minimnya program pembibitan dan seleksi terarah, sehingga kualitas genetik populasi kerbau lokal semakin menurun. Fenomena ini menimbulkan kekhawatiran terhadap keberlanjutan potensi genetik kerbau lokal sebagai plasma nutfah daerah yang penting bagi pembangunan peternakan di NTB.

Meskipun demikian, kerbau lokal NTB masih menunjukkan daya adaptasi yang tinggi terhadap kondisi lingkungan yang kurang ideal (Triwulaningsih, 2008). Variasi fenotip yang beragam, seperti warna tubuh abu-abu gelap hingga albino (Krisnandi *et al.*, 2016; Yulianty *et al.*, 2016), serta perbedaan karakter morfologi (Sukri *et al.*, 2016), mengindikasikan adanya keragaman genetik yang potensial untuk dikaji lebih lanjut. Keragaman tersebut penting diketahui sebagai dasar dalam pengembangan strategi pemuliaan dan konservasi genetik ternak. Tanpa adanya

pemetaan genetik yang jelas, risiko hilangnya sifat-sifat unggul akibat perkawinan acak dapat meningkat dan berdampak terhadap penurunan produktivitas serta daya adaptasi populasi. Kemajuan bioteknologi molekuler telah memberikan peluang baru dalam mendukung upaya peningkatan mutu genetik ternak melalui pendekatan berbasis genetik. Salah satu metode yang kini banyak digunakan adalah *marker assisted selection* (MAS), yang memungkinkan identifikasi lokus-lokus genetik terkait sifat ekonomi penting. Melalui pendekatan ini, dapat dilakukan pendeteksian *economic trait loci* (ETL) dan *quantitative trait loci* (QTL) secara lebih efisien untuk meningkatkan akurasi seleksi (Weller *et al.*, 2001). MAS menjadi landasan penting dalam program pemuliaan modern karena mampu mempercepat proses seleksi dan memperbaiki ketepatan dalam memilih individu unggul untuk dijadikan bibit.

Salah satu penanda genetik yang banyak digunakan dalam kajian keragaman genetik adalah mikrosatelit, yaitu segmen DNA pendek yang terdiri atas 2–6 pasang basa berulang dan tersebar di seluruh genom (Renwick *et al.*, 2001). Mikrosatelit memiliki polimorfisme tinggi, diwariskan secara kodominan, dan mudah dideteksi menggunakan teknik PCR (Lee *et al.*, 2008). Sifat-sifat tersebut menjadikan mikrosatelit sangat sesuai digunakan dalam analisis kekerabatan, identifikasi populasi, dan studi pemetaan genetik. Oleh karena itu, penggunaan penanda ini mampu memberikan informasi genetik yang akurat untuk mendukung upaya konservasi serta peningkatan kualitas genetik kerbau lokal di NTB.

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian mengenai keragaman genetik kerbau lokal di Nusa Tenggara Barat menjadi penting dilakukan sebagai langkah awal dalam upaya peningkatan mutu genetik ternak. Penelitian ini menggunakan penanda mikrosatelit pada lokus CSSM038, yang diketahui memiliki tingkat polimorfisme tinggi dan relevan dalam

analisis kekerabatan pada spesies *Bubalus bubalis* (Tixier-Boichard *et al.*, 2009). Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi mendalam mengenai tingkat variasi genetik dan hubungan kekerabatan antarpopulasi kerbau lokal Dompu. Informasi tersebut akan menjadi dasar ilmiah bagi perencanaan strategi seleksi, pembentukan bangsa ternak baru, serta konservasi genetik kerbau lokal di wilayah NTB secara berkelanjutan.

METODE

Materi Penelitian

Penelitian ini menggunakan 40 sampel darah kerbau lokal yang diperoleh dari peternakan rakyat di Doroncanga, Kabupaten Dompu, Nusa Tenggara Barat, dengan metode *purposive sampling* pada kerbau yang sehat secara klinis. Pengambilan darah dilakukan dari *vena jugularis* menggunakan jarum steril dan vacutainer berisi antikoagulan EDTA sebanyak ± 5 mL per ekor pada pagi hari untuk meminimalkan stres, kemudian sampel disimpan dalam *cool box* bersuhu 4–8°C selama transportasi dan dianalisis maksimal 24 jam setelah pengambilan.

Ekstraksi DNA

Proses ekstraksi DNA mengikuti proses yang diterapkan oleh Sambrook dan Russell (2001). Sebanyak 5 mL sampel darah domba dimasukkan dalam tabung *Eppendorf* 1,5 ml dan ditambahkan 1 000 μ l *NaCl* 0,2%, divortex dan didiamkan selama 5 menit. Sampel disentrifugasi dengan kecepatan 8.000 rpm selama 5 menit dengan suhu 20 °C, bagian supernatannya dibuang. Ditambahkan 40 μ l SDS 10%, 10 μ l ProtK 5 mg/mL, dan 350 μ l 1 $\times$ STE lalu dikocok dalam inkubator pada suhu 55 °C selama 2 jam. Ditambahkan 400 μ l CIAA, 400 μ l larutan *phenol*, dan 40 μ L *NaCl* 5M, dikocok selama 1 jam. Disentrifugasi dengan kecepatan 12.000 rpm selama 5 menit. bagian yang berwarna bening (DNA) sebanyak 400 μ l dipindahkan ke

tabung 1,5 ml dan ditambahkan 800 µl *ethanol absolute* dan 40 µl 5M *NaCl*, disimpan dalam *freezer* pada suhu -20 °C selama 1 malam. DNA *disentrifuge* pada kecepatan 12.000 rpm dengan suhu 20 °C selama 5 menit, bagian supernatannya dibuang.

Ditambahkan 800 µl *ethanol absolute* 70% dan *disentrifuge* pada kecepatan 12.000 rpm dengan suhu 20 °C selama 5 menit, bagian supernatannya dibuang. DNA didiamkan dalam keadaan terbuka hingga alkoholnya hilang (sampel mengering). Selanjutnya ditambahkan 100 µl *TE/Elution Buffer* 80% dan disimpan dalam *freezer* suhu -20 °C hingga akan digunakan.

Validasi Primer dan Amplifikasi DNA (PCR)

Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan primer mikrosatelit CSSM038 yang sebelumnya telah dilaporkan spesifik untuk genotipe kerbau (Quang *et al.*, 2022). Sebelum digunakan, primer ini diuji spesifisitasnya melalui simulasi *in silico* menggunakan perangkat lunak Primer-BLAST (NCBI) terhadap sekuens genom *Bubalus bubalis* guna memastikan tidak adanya amplifikasi silang dengan spesies lain.

Reaksi PCR dilakukan dalam total volume 25 µl yang terdiri atas: 1 µl DNA template (50–100 ng/µl), 12,5 µl MyTaq HS Red Mix (Bioline), 1 µl primer forward (10 µM), 1 µl primer reverse (10 µM), dan 9,5 µl nuclease-free water. Kondisi termal PCR diatur dalam thermocycler (Bio-Rad) sebagai berikut: *initial denaturation* pada suhu 94°C selama 3 menit, diikuti oleh 35 siklus masing-masing terdiri dari *denaturation* pada 94°C

selama 30 detik, *annealing* pada 49,6°C selama 20 detik, dan *extension* pada 72°C selama 40 detik, diakhiri dengan *final extension* pada 72°C selama 10 menit.

Visualisasi Hasil PCR (Elektroforesis Gel Agarosa)

Produk PCR dianalisis menggunakan gel agarosa 1,5% yang dibuat dari campuran 1,5 g agarosa dalam 100 ml larutan buffer 1×TAE, ditambahkan 3 µl ethidium bromide (0,5 µg/ml) sebagai pewarna DNA. Sebanyak 5 µl produk PCR dicampur dengan 1 µl *loading dye* dan dimasukkan ke dalam sumur gel. Elektroforesis dilakukan pada 100 V selama 30 menit. Gel kemudian divisualisasikan menggunakan UV transilluminator (Alpha Imager, Alpha Innotech, Santa Clara, USA) dan didokumentasikan dalam format digital. Ukuran fragmen DNA dibandingkan dengan DNA ladder 100 bp untuk menentukan panjang produk amplifikasi.

Penentuan Pita DNA

Penentuan posisi pita DNA dilakukan secara umum. Ukuran dan jumlah dari alel yang muncul pada gel ditentukan berdasarkan asumsi bahwa semua pita DNA dengan laju migrasi yang sama adalah homolog (Anantyarta, 2017), sedangkan alel dengan migrasi paling cepat ditetapkan sebagai alel A, berikutnya adalah alel B dan seterusnya. Penentuan pita DNA juga dapat ditentukan dengan melihat jumlah pita DNA, jika terdapat dua pita atau lebih maka sampel tersebut bersifat heterozigot dan jika terdapat satu pita maka bersifat homozigot.

Tabel 1. Primer dan Sekuens

Primer	Sekuens	Panjang sekuen
CSSM038 F :	5' TTC ATA TAA GCA GTT TAT AAA CGC 3'	136
CSSM038 R :	5' ATA GGA TCT GGT AAC TTA CAG ATG 3'	

Analisis data

Frekuensi Genotip

Frekuensi genotip merupakan rasio dan jumlah suatu genotip terhadap jumlah populasi. Frekuensi genotip dapat dihitung berdasarkan rumus Nei & Kumar (2000):

$$xi = \frac{ni}{N} \dots$$

Keterangan :

xi = frekuensi genotipe ke-ii

ni = jumlah individu bergenotipe-ii

N = jumlah individu sampel

Frekuensi Alel

Frekuensi alel merupakan rasio suatu alel terhadap keseluruhan alel pada suatu lokus dalam populasi diestimasi menggunakan software Popgen 32. Frekuensi alel dapat dihitung berdasarkan rumus Nei & Kumar (2000):

$$xi = \frac{2ni + \sum nii}{2N}$$

Keterangan : $j \neq 1$

xi = frekuensi alel ke-i

ni = jumlah individu untuk genotip ii

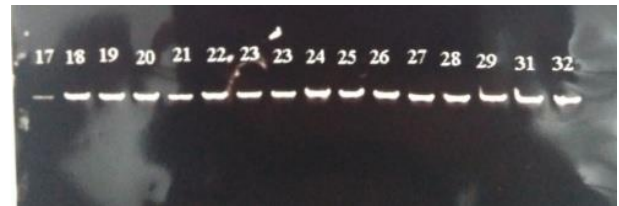
nii = jumlah individu untuk genotip ij

N = jumlah sampel

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil Analisis DNA dan Amplifikasi Lokus CSSM038

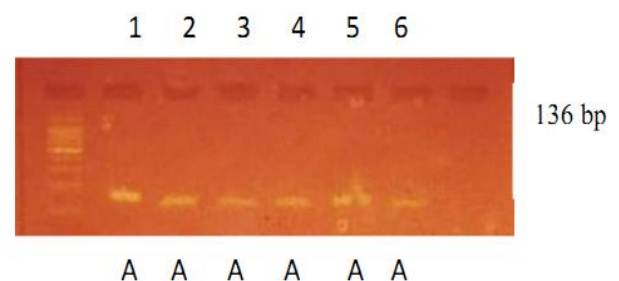
Proses isolasi DNA merupakan tahap awal penting dalam analisis molekuler. Hasil elektroforesis DNA menunjukkan pita yang tegas, jelas, dan tidak terdegradasi (Gambar 1), menandakan DNA hasil ekstraksi berada dalam kondisi baik dan layak digunakan sebagai templat PCR. Kualitas DNA yang optimal ini menunjukkan bahwa prosedur ekstraksi yang diadaptasi dari Sambrook & Russell (2001) mampu menghasilkan DNA genomik yang stabil. Sesuai dengan Suryo (2004), keberadaan pita tunggal yang konsisten mengindikasikan keberhasilan pemisahan DNA dari protein dan komponen non-nukleotida lainnya.



Gambar 1. Hasil Visualisasi DNA

Amplifikasi menggunakan primer mikrosatelit CSSM038 menghasilkan pola pita tunggal dengan panjang fragmen sekitar 136 bp pada seluruh sampel (Gambar 2). Berdasarkan hasil perhitungan menggunakan metode Nei & Kumar (2000), frekuensi genotipe AA dan frekuensi alel A mencapai 100%, menunjukkan tidak adanya variasi genetik pada lokus tersebut. Pola ini mengindikasikan bahwa seluruh individu dalam populasi kerbau Dompu memiliki genotipe homozigot pada lokus CSSM038, yang berarti bersifat monomorfik.

Hasil ini menunjukkan tidak adanya perbedaan sekuens DNA antar individu pada penanda yang digunakan. Monomorfisme pada satu lokus dapat mencerminkan homogenitas genetik akibat faktor sejarah domestikasi, ukuran populasi yang kecil, atau isolasi geografis. Dengan demikian, hasil ini menggambarkan bahwa populasi kerbau lokal Doroncanga kemungkinan memiliki keragaman genetik yang terbatas pada lokus CSSM038, meskipun belum tentu mencerminkan kondisi genetik seluruh genom.



Gambar 2. Hasil PCR mikrosatelit lokus CSSM038

Interpretasi Genetik dan Perbandingan dengan Studi Sebelumnya

Menurut Hartl (1988), suatu lokus dikatakan polimorfik jika frekuensi alel dominan tidak melebihi 95%, sedangkan frekuensi di atas batas tersebut mengindikasikan monomorfisme. Berdasarkan kriteria tersebut, hasil penelitian ini menunjukkan bahwa kerbau Dompu bersifat monomorfik pada lokus CSSM038. Kondisi ini menandakan tingkat keragaman genetik yang rendah dalam populasi pada penanda tersebut. Sebaliknya, penelitian Martinez *et al.* (2012) pada kerbau Murrah, Surti, dan Filipina melaporkan dua hingga tiga alel berbeda pada lokus CSSM038. Hal ini menunjukkan bahwa tingkat variasi genetik sangat dipengaruhi oleh asal populasi, sejarah pemuliaan, dan sistem perkawinan. Populasi yang dikelola secara lebih terbuka dengan pertukaran pejantan antar daerah cenderung mempertahankan tingkat polimorfisme yang lebih tinggi dibanding populasi lokal tertutup seperti kerbau Dompu.

Perbandingan ini memperlihatkan bahwa monomorfisme pada penelitian ini tidak bersifat universal, melainkan bergantung pada dinamika populasi lokal. Faktor-faktor seperti isolasi geografis, rendahnya aliran gen, dan praktik pemeliharaan tradisional kemungkinan besar berperan penting dalam terbentuknya homogenitas genetik ini. Dengan demikian, hasil ini memberikan dasar penting untuk mempertimbangkan strategi pengelolaan genetik di tingkat lokal.

Representativitas Sampel dan Keterbatasan Populasi

Penelitian ini melibatkan 40 sampel darah kerbau lokal yang diambil dengan metode *purposive sampling* dari peternakan rakyat di Doroncanga, Kabupaten Dompu. Jumlah tersebut memenuhi rekomendasi minimum FAO (2020), yaitu ≥ 30 individu untuk analisis keragaman genetik menggunakan mikrosatelit. Namun demikian, cakupan geografis yang terbatas serta metode pengambilan yang tidak acak mengakibatkan

hasil ini belum sepenuhnya merepresentasikan seluruh populasi kerbau di Nusa Tenggara Barat.

Selain keterbatasan area, informasi tentang riwayat perkawinan dan silsilah pejantan tidak tersedia. Hal ini menyebabkan sulitnya menelusuri asal-usul genetik populasi secara menyeluruh. Beberapa peternak di Doroncanga diketahui menggunakan pejantan yang sama dalam beberapa musim kawin, yang dapat berkontribusi terhadap rendahnya variasi genetik. Namun, tanpa data genealogis dan ukuran populasi efektif (*effective population size*), interpretasi tersebut masih bersifat indikatif.

Oleh karena itu, hasil penelitian ini perlu dipandang sebagai kajian awal kondisi genetik kerbau Dompu. Untuk menghasilkan kesimpulan yang lebih kuat, penelitian lanjutan dengan cakupan wilayah lebih luas, jumlah lokus lebih banyak, dan data silsilah lengkap sangat disarankan. Pendekatan tersebut akan membantu menilai apakah monomorfisme ini bersifat lokal atau telah meluas ke populasi kerbau di wilayah lain di NTB.

Faktor-Faktor Penyebab Monomorfisme

Keragaman genetik rendah atau monomorfisme dapat disebabkan oleh beberapa faktor utama. Salah satunya adalah ukuran populasi efektif yang kecil, di mana jumlah individu yang berkontribusi terhadap reproduksi sangat terbatas. Dalam kondisi demikian, alel dapat hilang secara acak dari generasi ke generasi akibat *genetic drift* (Falconer & MacKay, 1996). Selain itu, sistem peternakan rakyat yang masih sederhana menyebabkan terjadinya perkawinan tidak terarah, dengan rasio pejantan-betina yang tidak seimbang, sehingga peluang reproduksi hanya dimiliki oleh sejumlah kecil individu jantan.

Faktor kedua adalah isolasi geografis. Populasi kerbau Doroncanga relatif terpisah dari populasi di daerah lain, sehingga peluang aliran gen (*gene flow*) sangat rendah. Isolasi

ini dapat mempercepat proses homogenisasi genetik karena tidak adanya masuknya gen baru dari luar populasi. Selain itu, seleksi buatan oleh peternak, misalnya pemilihan pejantan berdasarkan ukuran tubuh atau kekuatan kerja, secara tidak langsung dapat menyebabkan fiksasi alel tertentu.

Faktor ketiga adalah pengaruh seleksi alam dan kondisi lingkungan lokal. Populasi yang hidup di lingkungan homogen dengan tekanan seleksi serupa cenderung mempertahankan genotipe yang sama pada gen penanda tertentu. Oleh karena itu, monomorfisme yang ditemukan bukan semata-mata akibat *inbreeding*, tetapi juga dapat mencerminkan adaptasi genetik terhadap kondisi lokal yang stabil dalam jangka panjang.

Evaluasi Dugaan *Inbreeding*

Secara teoritis, *inbreeding* meningkatkan homozigositas genetik karena terjadinya perkawinan antar individu yang berkerabat dekat (Falconer & MacKay, 1996). Namun demikian, hasil monomorfisme tunggal pada lokus CSSM038 tidak cukup kuat untuk digunakan sebagai indikator langsung adanya *inbreeding*. Penentuan tingkat *inbreeding* seharusnya didukung oleh data genealogis, analisis multilokus, atau estimasi koefisien *inbreeding* (F) yang diperoleh dari data silsilah ternak.

Ketiadaan data tentang riwayat kawin, asal pejantan, dan tingkat hubungan kekerabatan antar individu membuat dugaan *inbreeding* pada penelitian ini belum dapat dibuktikan secara empiris. Walaupun populasi tertutup dan penggunaan pejantan terbatas berpotensi meningkatkan peluang *inbreeding*, konfirmasi ilmiah tetap memerlukan bukti molekuler tambahan. Analisis dengan lebih banyak penanda genetik, seperti *single nucleotide polymorphism* (SNP), dapat memberikan informasi yang lebih akurat.

Dengan demikian, dugaan *inbreeding* pada penelitian ini hanya bersifat hipotesis awal yang memerlukan kajian lanjutan.

Analisis berbasis multilokus akan memungkinkan estimasi heterozigositas rata-rata, nilai F-statistik, dan derajat kekerabatan antar individu, yang secara bersama-sama dapat menegaskan sejauh mana *inbreeding* berkontribusi terhadap rendahnya keragaman genetik populasi kerbau Dompu.

Implikasi Biologis dan Strategi Konservasi Genetik

Keragaman genetik memiliki peran penting dalam mempertahankan daya adaptasi, kesehatan, dan produktivitas populasi ternak. Populasi yang monomorfik berisiko mengalami penurunan kemampuan adaptasi terhadap penyakit dan perubahan lingkungan (Hartl, 1988). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa populasi kerbau Dompu berpotensi menghadapi tantangan tersebut apabila tidak dilakukan upaya pengelolaan genetik secara terencana.

Untuk menjaga keberlanjutan populasi, strategi konservasi genetik perlu diterapkan. Beberapa langkah yang dapat diambil meliputi: (1) introduksi pejantan dari populasi lain untuk meningkatkan aliran gen (*gene flow*), (2) penerapan sistem pencatatan silsilah agar hubungan kekerabatan dapat dipantau, dan (3) pengaturan rasio pejantan-betina untuk menjaga ukuran populasi efektif. Langkah-langkah ini dapat meningkatkan tingkat heterozigositas dan mencegah dominasi satu alel dalam populasi.

Secara lebih luas, konservasi genetik kerbau lokal Dompu memiliki nilai strategis bagi ketahanan pangan dan keanekaragaman genetik nasional. Populasi ini perlu dijaga agar tetap beradaptasi dengan kondisi lingkungan setempat sekaligus mempertahankan potensi genetiknya untuk program pemuliaan masa depan. Oleh karena itu, hasil penelitian ini menjadi dasar penting untuk kebijakan pengelolaan sumber daya genetik ternak di Indonesia.

KESIMPULAN

Penelitian ini menunjukkan bahwa populasi kerbau lokal di Doroncanga, Kabupaten Dompu, Nusa Tenggara Barat, memiliki sifat monomorfik pada lokus mikrosatelit CSSM038 dengan frekuensi alel A sebesar 100%, menandakan rendahnya tingkat keragaman genetik pada penanda tersebut. Kondisi ini diduga berkaitan dengan ukuran populasi efektif yang kecil, sistem perkawinan tidak terarah, serta isolasi geografis yang membatasi aliran gen antar kelompok ternak. Walaupun monomorfisme dapat mengindikasikan homogenitas genetik, hasil ini belum cukup untuk menyimpulkan adanya *inbreeding* tanpa data genealogis atau analisis multilokus tambahan. Dengan demikian, penelitian ini menjadi kajian awal penting dalam memahami struktur genetik kerbau lokal Dompu dan menegaskan perlunya upaya konservasi serta pengelolaan genetik terarah, seperti peningkatan pertukaran pejantan dan penerapan sistem pencatatan silsilah untuk menjaga keberlanjutan dan daya adaptasi populasi di masa depan.

DAFTAR PUSTAKA

- Anantyarta, P. (2017). Identifikasi variasi genetik kerbau (*Bubalus bubalis*) Pacitan dan Tuban berbasis mikrosatelit. *Bioeksperimen: Jurnal Penelitian Biologi*, 3(1), 11-28.
- Direktorat Jendral Peternakan dan Kesehatan Hewan Kementrian Pertanian Republik Indonesia [Ditjennak]. (2016). Statistik Peternakan dan Kesehatan Hewan 2016. <http://ditjennak.pertanian.go.id/>.
- Food and Agriculture Organization [FAO]. (2020). Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS). Food and agriculture organization of the united nations, Rome. <http://www.fao.org/dad-is/en/>
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetic*. 4th Ed. Essex, England: Longman Group Ltd.
- Hartl, D. L. (1988). *A Primer of Population Genetics*. Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Husni, H. (2018). Karakteristik Reproduksi dan Keragaman Fenotipik Kerbau Lumpur (*Bubalus bubalis*) di Padang Sabana Doroncanga Kawasan Tambora Kabupaten Dompu NTB. Tesis. Mataram: Program Pascasarjana Universitas Mataram.
- Krisnandi, G., Rahmat, D., & Dudi, D. (2016). Identifikasi sifat kualitatif dan kuantitatif kerbau jantan dewasa. *Students e-Journal*, 5(2).
- Lee, W. S., Soo, G., Shin, H. J., Yun, S. H., Yun, H., Choi, N., Lee, J., Son, D., Cho, J., Kim, J., Cho, Y. B., Chun, H. K. & Lee, W. Y. (2008). Identification of differentially expressed genes in microsatellite stable HNPCC and sporadic colon cancer. *Journal of Surgical Research*, 144, 29-35.
- Martínez-Abadías, N., Esparza, M., Sjøvold, T., González-José, R., Santos, M., Hernández, M., & Klingenberg, C. P. (2012). Pervasive genetic integration directs the evolution of human skull shape. *Evolution*, 66(4), 1010-1023.
- Nei, M., & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. 1st ed. New Jersey (USA): Oxford University Press.
- Quang, N. H., Khoa, M. A., Vien, T. H., Phuong, P. B., Hoan, T. T., & Van Dai,

- N. (2022). Assesment of genetic diversity in Chiemhoa male buffaloes from Tuyenquang province by microsatellites. *Tạp chí Khoa học Công nghệ Chăn nuôi*, (132), 60-67.
- Renwick, A., Davison, L., Spratt, H., King, J. P. & Kimmel, M. (2001). DNA nucleotide evolution in humans fitting theory to facts. *Genetics*. 159, 737-747.
- Sambrook, J., & Russell, D. W. (2001). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd ed, Vol. 1. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sukri, A., Fitriyani, F., & Supardi, S. (2016). Karakteristik morfologi kerbau lokal (*Bubalus bubalis*) Lombok Tengah Nusa Tenggara Barat. *Jurnal Biologi dan Pembelajarannya*, 3(1).
- Suryo, S. (2004). *Genetika*. Yogyakarta: Gadjah Mada University Press.
- Tixier-Boichard, M., Bordas, A., & Rognon, X. (2009). Characterisation and monitoring of poultry genetic resources. *World's Poultry Science Journal*, 65(2), 272-285.
- Triwulaningsih, E. (2008). Kerbau Sumber Daging dan Susu, Mungkinkah. Balai Penelitian Ternak.
- Weller, J. I. (2001). *Quantitative Trait Loci Analysis in Animals*. New York, USA: CABI Publishng.
- Yulianty, S., Soma, I. G., & Wandia, I. N. (2016). Keragaman fenotipe kerbau lumpur (*Bubalus bubalis*) di Kabupaten Jembrana Bali: warna kulit dan pusaran rambut. *Indonesia Medicus Veterinus Journal*, 5(2), 119–128.