



DASAR PEMULIAAN TERNAK

Buku ajar ini disusun dengan tujuan membantu mahasiswa dalam mempelajari dan memahami materi kuliah Dasar-dasar Pemuliaan Ternak dengan lebih mendalam. Hal ini disebabkan oleh terbatasnya materi yang dapat disampaikan pada saat perkuliahan. Buku ajar ini juga dapat digunakan sebagai rujukan bagi para peneliti yang menekuni bidang pemuliaan ternak.

Materi yang dibahas dalam buku ajar ini meliputi kinerja ternak (sifat kualitatif dan sifat kuantitatif), genetika populasi, dan parameter genetik (heritabilitas, rinitabilitas, dan korelasi genetik). Materi tersebut merupakan dasar untuk menentukan sistem pemuliaan yang tepat untuk meningkatkan kinerja generasi keturunannya baik pada ternak ruminansia maupun nonruminansia.

AURA
ANUGRAH UTAMA RAHARJA

 Aura-Publishing
 @Aura_Publishing
 www.aura-publishing.com

AKADEMIK



DASAR PEMULIAAN TERNAK

Dr. Ir. Sulastri, M.P. | Muhammad Dima Iqbal Hamdani, S.Pt., M.P.

Dr. Ir. Sulastri, M.P.
Muhammad Dima Iqbal Hamdani, S.Pt., M.P.

DASAR PEMULIAAN TERNAK



DASAR
PEMULIAAN
TERNAK

Hak cipta pada penulis
Hak penerbitan pada penerbit
Tidak boleh diproduksi sebagian atau seluruhnya dalam bentuk apapun
Tanpa izin tertulis dari pengarang dan/atau penerbit

Kutipan Pasal 72 :

Sanksi pelanggaran Undang-undang Hak Cipta (UU No. 10 Tahun 2012)

1. Barang siapa dengan sengaja dan tanpa hak melakukan perbuatan sebagaimana dimaksud dalam Pasal 2 ayat (1) atau Pasal (49) ayat (1) dan ayat (2) dipidana dengan pidana penjara masing-masing paling singkat 1 (satu) bulan dan/atau denda paling sedikit Rp. 1.000.000,00 (satu juta rupiah), atau pidana penjara paling lama 7 (tujuh) tahun dan atau denda paling banyak Rp. 5.000.000.000,00 (lima miliar rupiah)
2. Barang siapa dengan sengaja menyiarkan, memamerkan, mengedarkan, atau menjual kepada umum suatu Ciptaan atau hasil barang hasil pelanggaran Hak Cipta atau Hak Terkait sebagaimana dimaksud ayat (1) dipidana dengan pidana penjara paling lama 5 (lima) tahun dan/atau denda paling banyak Rp. 500.000.000,00 (lima ratus juta rupiah)

Dr. Ir.Sulastri, M.P.
Muhammad Dima Iqbal Hamdani, S.Pt., M.P.

DASAR PEMULIAAN TERNAK

AURA
ANUGRAH UTAMA RAHARJA

Perpustakaan Nasional RI:
Katalog Dalam Terbitan (KDT)

DASAR PEMULIAAN TERNAK

Penulis:
Dr. Ir.Sulastri, M.P.
Muhammad Dima Iqbal Hamdani, S.Pt., M.P.

Desain Cover & Layout
Team Aura Creative

Penerbit
AURA
CV. Anugrah Utama Raharja
Anggota IKAPI
No.003/LPU/2013

xiv +211 hal : 15,5 x 23 cm
Cetakan, Maret 2018

ISBN: 978-602-5636-

Alamat
Jl. Prof. Dr. Soemantri Brojonegoro, Komplek Unila
Gedongmeneng Bandar Lampung
HP. 081281430268
E-mail : redaksiaura@gmail.com
Website : www.aura-publishing.com

Hak Cipta dilindungi Undang-undang

KATA PENGANTAR

Puji syukur dipanjatkan ke hadirat Allah SWT atas segala rahmat dan karunia-Nya sehingga penulisan buku ajar Dasar Pemuliaan Ternak ini dapat diselesaikan dengan baik.

Buku ajar ini disusun dengan tujuan membantu mahasiswa dalam mempelajari dan memahami materi kuliah Dasar-dasar Pemuliaan Ternak dengan lebih mendalam. Hal ini disebabkan oleh terbatasnya materi yang dapat disampaikan pada saat perkuliahan. Buku ajar ini juga dapat digunakan sebagai rujukan bagi para peneliti yang menekuni bidang pemuliaan ternak.

Materi yang dibahas dalam buku ajar ini meliputi kinerja ternak (sifat kualitatif dan sifat kuantitatif), genetika populasi, dan parameter genetik (heritabilitas, rinitabilitas, dan korelasi genetik). Materi tersebut merupakan dasar untuk menentukan sistem pemuliabiakan yang tepat untuk meningkatkan kinerja generasi keturunannya baik pada ternak ruminansia maupun nonruminansia.

Beberapa buku referensi, hasil penelitian penulis, dan hasil penelitian dari penulis lain digunakan sebagai rujukan untuk memperluas pengetahuan pembaca tentang dasar yang perlu dipahami untuk melanjutkan mempelajari Ilmu Pemuliaan Ternak. Buku ajar ini masih belum sempurna sehingga penulis mengharapkan masukan, kritik, dan saran yang membangun dari pembaca agar buku ajar ini dapat menjadi bahan rujukan yang komprehensif bagi banyak pihak.

Bandarlampung, Maret 2018

Tim Penyusun

DAFTAR ISI

BAB I. KINERJA TERNAK.....	1
A. Pendahuluan	1
B. Pengertian Kinerja Ternak.....	2
C.Sifat Kualitatif.....	3
1. Pengertian sifat kualitatif	3
2. Manfaat sifat kualitatif dalam pemuliaan ternak	4
3. Identifikasi gen pengendali sifat kualitatif	6
4. Polimorfisme gen pengendali sifat kualitatif	7
5. Hasil Penelitian Sifat Kualitatif pada Sapi Krui dan Kambing Saburai	10
D. Sifat Kuantitatif.....	17
1. Pengertian sifat kuantitatif	17
2. Karakteristik sifat kuantitatif.....	17
3. Polimorfisme pada sifat kuantitatif	18
E. Ringkasan.....	35
F. Latihan.....	36
G. Daftar Pustaka.....	39

BAB II. GENETIKA POPULASI	41
A. Pendahuluan.....	41
B. Pengertian Genetika Populasi	42
C. Manfaat Genetika Populasi	43
D. Konsep Dasar Frekuensi Gen dan Genotip	44
1. Frekuensi gen pada genotip dengan aksi gen dominan tidak penuh	44
2. Frekuensi gen pada genotip dominan penuh	47
E. Hukum Hardy-Weinberg.....	48
F. Perubahan Frekuensi Gen dan Genotip	51
G. Analisis Komposisi Genetik.....	55
H. Ringkasan.....	60
I. Latihan.....	61
J. Daftar Pustaka.....	64
 BAB III. HERITABILITAS	 65
A. Pendahuluan.....	65
B. Pengertian Heritabilitas	66
C. Manfaat Heritabilitas	69
D. Kisaran Nilai Heritabilitas.....	70
E. Metode Estimasi Heritabilitas	73
1. Metode korelasi saudara tiri sebakap	74
2. Metode pola tersarang (nested hierarchal design)	93
3. Metode regresi anak terhadap tetua (<i>regression of offspring on parent method</i>)	105

4. Estimasi heritabilitas melalui percobaan seleksi	112
F. Hasil-hasil Penelitian tentang Estimasi Heritabilitas	114
G. Ringkasan.....	131
H. Latihan.....	133
I. Daftar Pustaka.....	134
BAB IV. RIPITABILITAS	138
A. Pendahuluan.....	138
B. Pengertian Ripitabilitas	139
C. Manfaat Ripitabilitas	141
D. Kisaran Nilai Ripitabilitas.....	141
E. Pemisahan Keragaman pada Estimasi Ripitabilitas	142
F. Faktor-faktor yang Berpengaruh terhadap Nilai Ripitabilitas ..	143
G. Metode Estimasi Heritabilitas	144
1. Metode korelasi antarkelas (<i>interclass correlation</i>).....	144
2. Metode korelasi dalam kelas (<i>intraclass correlation</i>)	147
H. Hasil Penelitian tentang Estimasi Ripitabilitas.....	157
I. Ringkasan.....	166
J. Latihan.....	167
K. Daftar Pustaka.....	169
BAB V. KORELASI GENETIK	170
A. Pendahuluan.....	170
B. Pengertian Korelasi Genetik.....	171
C. Manfaat Korelasi Genetik	172

D. Kisaran Nilai Korelasi Genetik.....	172
E. Metode Estimasi Korelasi Genetik.....	173
1. Metode hubungan saudara tiri seabapak (<i>one-way layout</i>)...	174
2. Metode regresi anak terhadap tetua (<i>offspring-parent regression method</i>).....	188
F. Hasil Penelitian tentang Korelasi Genetik.....	198
G. Ringkasan.....	204
H. Latihan.....	210
I. Daftar Pustaka.....	211

DAFTAR TABEL

1.1	Uji chi square proporsi sapi hitam dan merah dalam populasi.....	22
2.1	<i>Chi square</i> pada tingkat kepercayaan 0,01 (1,0 %) - 0,99 (99,0 %) dan derajat bebas 1 - 20	23
3.1	Bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai di Kecamatan Sumberejo, Kabupaten Tanggamus	27
4.1	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas bbobot sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri sebak model balanced design	33
5.1	Data bobot sapih dan bobot umur satu tahun Kambing Saburai di Kabupaten Tanggamus.....	37
1.2	Frekuensi gen dan genotip pada populasi sapi <i>Shorthorn</i> sebelum dan setelah seleksi	53
2.2	Nilai X^2 tabel pada derajat bebas (db) dan tingkat kepercayaan (α) tertentu.....	57
3.2	Uji Chi-kuadrat pada populasi sapi <i>Shorthorn</i>	60
1.3	Estimasi heritabilitas berat lahir, sapih, dan setahunan pada kambing Peranakan Etawah di Kelompok Tani Margarini..	70
2.3	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebak model balanced design	78
3.3	Rumus perhitungan komponen keragaman dalam estimasi heritabilitas metode korelasi saudara tiri sebak model balanced design	79

4.3	Bobot sapih kambing Kacang (kg) untuk estimasi heritabilitas	81
5.3	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas berat sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri sebak model balanced design	83
6.3	Bobot sapih (kg) kambing Kacang di Kelompok Tani Rahayu, Desa Muara Putih, Kecamatan Natar	84
7.3	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas berat sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri sebak model balanced design	86
8.3	Data jumlah anak per pejantan	83
9.3	Data bobot sapih (kg) cempe Kacang dari 5 ekor pejantan	90
10.3	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas berat sapih kambing	92
11.3	Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas dengan metode <i>nested</i>	96
12.3	Contoh tata letak data untuk estimasi heritabilitas dengan metode <i>neste hierarchal design</i>	98
13.3	Rumus-rumus untuk menghitung FK, SS, MS, dan keragaman genetik	99
14.3	Data bobot badan anak ayam <i>White Rock</i> umur 8 minggu (g)	101
15.3	Analisis keragaman bobot badan ayam <i>White Rock</i> umur 8 bulan untuk estimasi heritabilitas metode <i>nested hierarchal design</i>	105
16.3	Model genetik pada estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan dan betina	106
17.3	Bobot sapih (kg) kambing Kacang jantan (X) dan anak-anaknya (Y).....	108
18.3	Data bobot sapih (kg) tetua jantan (X) dan bobot sapih anak (Y) kambing Kacang, perhitungan X ² , Y ² , dan XY	109
19.3	Estimasi heritabilitas performa pertumbuhan kambing Rambon	114
20.3	Estimasi parameter genetik BL, BB90, dan PBBH kambing Boer dengan menggunakan empat model.....	118

21.3	Estimasi heritabilitas sifat-sifat pertumbuhan kambing Tellicherry	121
1.4	Berat sapih cempé dari 25 ekor induk kambing Kacang	145
2.4	Data berat sapih kambing Kacang pada kelahiran pertama dan kedua untuk estimasi rinitabilitas dengan metode interclass correlation.....	146
3.4	Analisis keragaman untuk estimasi rinitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas.....	148

DAFTAR GAMBAR

- 1.1 Sapi Krui betina dengan warna kulit tubuh coklat dan bentuk tanduk silak congklong..... 12
- 2.1 Sapi Krui dengan warna ekor sesuai dengan warna tubuh dan bulu kipas ekor berwarna hitam..... 12
- 3.1 Kambing Saburai jantan dilihat dari samping dengan warna tubuhnya kombinasi putih dan coklat, bulu jenggot pendek, punggungnya lebar dan perototannya kuat..... 14
- 4.1 Konformasi tubuh kambing Saburai jantan yang besar, tanduknya besar, kuat, dan melengkung ke belakang, skrotum besar, ekor melengkung ke atas 15
- 5.1 Kambing Saburai betina dengan warna tubuh putih dan kepala coklat, tidak berjenggot..... 15
- 6.1 Kambing Saburai betina dengan profil wajah yang datar, kaki yang besar, telinga pendek dan melebar berwarna coklat 16
- 7.1 Kambing Saburai dengan ekor berwarna putih dan posisinya ke bawah..... 16
- 8.1 Bagan perkawinan antara sapi jantan hitam (BB) dan sapi hitam betina (Bb)..... 21
- 9.1 Kurva normal yang menunjukkan wilayah dengan satu, dua, tiga, dan empat salah baku dari *mean*..... 25

1.2	Bagan perkawinan antar sapi <i>Shorthorn</i> merah heterosigot (Rr) dengan aksi gen dominan tidak penuh	56
2.2	Bagan perkawinan antar-sapi hitam heterosigot (Hh) dengan aksi gen dominan penuh.	56
1.3	Analisis jalur hubungan antar-saudara tiri (t).....	75

BAB I.

KINERJA TERNAK

A. Pendahuluan

Pokok bahasan pada materi kinerja ternak terdiri dari: (1) pengertian kinerja ternak, (2) sifat kualitatif, (3) sifat kuantitatif

Materi tentang kinerja ternak merupakan identifikasi karakteristik sifat kualitatif dan sifat kuantitatif. Manfaatnya adalah mengetahui metode yang tepat untuk meningkatkan sifat kualitatif dan kuantitatif pada ternak berdasarkan potensi genetiknya yang akan dipelajari dalam Ilmu Pemuliaan Ternak.

Tujuan instruksional khusus dari penyampaian materi ini adalah mahasiswa yang sudah membaca materi ini diharapkan mampu:

1. menjelaskan pengertian kinerja ternak;
2. menjelaskan karakteristik sifat kualitatif dan sifat kuantitatif;
3. menjelaskan manfaat sifat kualitatif dan kuantitatif dalam pemuliaan ternak;
4. menjelaskan gen-gen pengendali sifat kualitatif dan kuantitatif.

Permasalahan-permasalahan dan pertanyaan yang belum terjawab dalam bab ini dapat dilakukan pembaca dengan menelusuri pustaka dan jurnal ilmiah yang disarankan penulis melalui daftar pustaka.

B. Pengertian Kinerja Ternak

Kinerja atau penampilan ternak merupakan sifat yang diperlihatkan ternak, baik yang dapat diukur dalam satuan maupun yang hanya dapat dilihat tetapi sulit untuk diukur dalam satuan. Sifat yang dapat diukur dalam satuan antara lain bobot badan, panjang badan, produksi susu, produksi telur dinamakan sifat kuantitatif. Sifat yang dapat dilihat tetapi tidak dapat diukur dalam satuan antara lain warna tubuh, bentuk wajah, konformasi tubuh, bentuk telinga. Sifat tersebut dinamakan sifat kualitatif. Kedua sifat tersebut dapat digunakan sebagai parameter kinerja ternak dan karakteristik rumpun ternak.

Dua faktor yang menentukan kinerja ternak adalah faktor genetik dan lingkungan. Faktor genetik bersifat baka yang ditentukan oleh susunan gen dan kromosom yang terdapat dalam setiap sel individu. Faktor tersebut diwariskan pada keturunannya dan terjadi sejak fertilisasi yaitu penyatuan antara gamet jantan dan gamet betina serta. Kemampuan individu untuk menampilkan kinerjanya dibatasi oleh faktor genetik sehingga faktor genetik merupakan kemampuan atau potensi individu dalam menampilkan kinerjanya.

Faktor lingkungan berbeda dengan faktor genetik karena tidak baka dan tidak diwariskan pada keturunannya. Kemampuan individu dalam mencapai potensi kinerjanya seoptimal mungkin ditentukan oleh faktor lingkungan. Faktor lingkungan tersebut dinyatakan sebagai kesempatan bagi ternak untuk menampilkan kinerja sesuai dengan potensi genetiknya. Faktor-faktor tersebut tidak berdiri sendiri tetapi berinteraksi dalam memengaruhi kinerja ternak. Pengaruh faktor genetik, lingkungan, dan interaksi antara faktor genetik dan lingkungan dapat dinyatakan secara matematik dengan rumus $P = G + E + GEI$ (P = kinerja ternak, G = faktor genetik, E = faktor lingkungan, GEI = interaksi antara faktor genetik dan lingkungan).

Berdasarkan rumus matematik tersebut, individu ternak mampu menampilkan potensi genetiknya secara optimal bila mendapat lingkungan yang sesuai dengan kebutuhannya dan terdapat interaksi

yang baik antara faktor genetik dan lingkungan. Salah satu contohnya adalah bobot sapih kambing Kacang $5,62 \pm 0,52$ kg tidak dapat melampaui bobot sapih kambing Rambon ($10,56 \pm 1,78$ kg), Peranakan Etawah ($19,28 \pm 2,05$ kg), dan Saburai ($19,67 \pm 1,54$ kg) (Sulastrri, 2014). Hal tersebut disebabkan potensi genetik kambing Kacang hanya mampu menghasilkan bobot sapih yang rendah walaupun mendapat lingkungan yang sangat baik.

Sekelompok individu ternak dalam satu rumpun memiliki susunan gen yang bervariasi dan masing-masing individu memiliki respon yang bervariasi terhadap faktor lingkungan. Bervariasinya susunan gen antarindividu dinamakan keragaman genetik. Bervariasinya lingkungan yang memengaruhi individu ternak dinyatakan sebagai keragaman lingkungan. Bervariasinya kinerja ternak yang merupakan ekspresi dari potensi genetik dan respon genetik ternak terhadap lingkungan merupakan keragaman fenotipik.

C.Sifat Kualitatif

1. Pengertian sifat kualitatif

Sifat kualitatif merupakan sifat ternak yang yang dapat dibedakan dan dikelompokkan secara tegas tetapi tidak dapat diukur dalam satuan (Hardjosubroto, 1994). Contohnya bentuk kepala, bentuk tubuh, bentuk tanduk, bentuk telinga. Sifat tersebut dikontrol oleh lebih sedikit pasangan gen dibandingkan dengan gen yang mengendalikan sifat kuantitatif. Selain itu, sifat kualitatif hanya sedikit dipengaruhi bahkan sama sekali tidak dipengaruhi oleh oleh faktor lingkungan. Contohnya kambing Boer bertanduk besar yang dipelihara di Benua Australia tetap memiliki tanduk besar bila dipelihara di Indonesia. Sifat kualitatif memiliki nilai ekonomis yang rendah.

Pengelompokan atau klasifikasi ternak kedalam suatu rumpun didasarkan pada sifat kualitatif, antara lain pada warna kepala, tubuh, dan ekor, bentuk kepala, bentuk tanduk, ada tidaknya gumba pada sapi, ada tidaknya surai pada kambing. Produktivitas ternak dapat diduga

atau diestimasi berdasarkan penampilan sifat kualitatif. Sifat kualitatif diwariskan pada keturunannya tetapi angka pewarisannya tidak dapat diukur secara kuantitatif seperti halnya pada sifat-sifat kuantitatif.

2. Manfaat sifat kualitatif dalam pemuliaan ternak

Sifat kualitatif bermanfaat dalam menghitung frekuensi gen dan genotip guna mengetahui apakah suatu sifat kualitatif sekelompok ternak dalam keadaan keseimbangan genetik atau tidak. Genotip merupakan susunan gen yang mengontrol suatu sifat, baik sifat yang diinginkan peternak maupun yang tidak diinginkan. Peternak melakukan seleksi dengan memilih individu-individu yang memiliki sifat yang diinginkan dan menyingkirkan individu-individu yang sifatnya tidak diinginkan. Seleksi dan penyingkiran (*culling*) mengubah frekuensi gen sifat yang terdapat dalam sekelompok individu dalam populasi.

Sifat kualitatif dikelompokkan menjadi sifat luar, cacat genetik, dan polimorfisme genetik. Sifat luar atau karakteristik eksterior ternak seperti halnya warna tubuh, warna kepala, bentuk tanduk menunjukkan kemurnian bangsa ternak sehingga secara tidak langsung dapat menunjukkan produktivitas ternak. Cacat genetik biasanya dikendalikan oleh gen resesif sehingga hanya muncul pada keturunannya apabila individu tersebut kawin secara *inbreeding* dengan ingan individu yang memiliki gen resesif pembawa cacat. Polimorfisme genetik merupakan keragaman genetik yang disebabkan oleh adanya mutasi pada basa nitrogen penyusun DNA sehingga terjadi keragaman genotip pada satu sifat (Warwick *et al.*, 1990).

Sifat kualitatif digunakan dalam menentukan jarak genetik antarbangsa ternak, salah satu diantaranya hasil penelitian Machado *et al.* (2000). Penelitiannya dilakukan dengan tujuan untuk mengetahui kedekatan hubungan antara kambing Brazil yang tidak teridentifikasi dari *Ceara State* dengan kambing-kambing dari wilayah Mediteranean (Eropa dan Afrika). Sebanyak 447 ekor bangsa kambing yang tidak teridentifikasi asal-usulnya dari wilayah Ceara, Brazil bagian timur laut, 3.847 ekor kambing Mediteranean Eropa, dan 325 ekor kambing

Mediterranean Afrika dibandingkan untuk menentukan jarak genetik dan pohon genetik.

Pengujian dilakukan dengan menghitung frekuensi alel pada masing-masing populasi untuk sifat ada tidaknya tanduk, telinga yang pendek, rambut yang panjang, *wattles*, *beard*, warna *roan*, pigmen standar *eumelanin* dan *eumelanin* coklat. Jarak genetik dianalisis dengan menghitung perbedaan frekuensi alel. Hasil penelitian menunjukkan bahwa perbedaan frekuensi alel paling rendah (0,0008 sampai 0,0120) antara kambing dari wilayah Ceara, perbedaan frekuensi alel yang rendah antara seluruh kambing yang tidak teridentifikasi di Ceara dan kambing Prancis dari Rove dan Haute Roya (0,0236 dan 0,0459), perbedaan lebih besar antara kambing tak teridentifikasi dari wilayah Ceara dan kambing Spanyol bagian timur laut (0,1166).

Perbedaan frekuensi alel tertinggi terjadi antara kambing tak teridentifikasi dari Ceara dan kambing dari wilayah Afrika timur laut (*Moroccan of Drâa*, *Rhâali*, dan *Zagora*), kambing Balkan (Sakhar dari Bulgaria dan Macedonia dari Greece) dan beberapa populasi *insular* Mediterranean (Corsica, Sicily, dan Sardinia), yang berkisar dari 0,1237 sampai 0,2714. Kambing Brazilian yang tidak teridentifikasi memiliki hubungan lebih dekat dengan populasi kambing Continental dan Eropa Barat daripada dengan populasi kambing Afrika Utara, Balkan atau *Insular Mediterranean populations*.

Kungland (1999) melaporkan bahwa wilayah pengkodean yang lengkap dari gen the *melanocyte-stimulating hormone receptor* (MC1-R) diamati pada spesies yang termasuk famili *Bovidae* dan *Cervidae* yang meliputi sapi (*Bos taurus*), domba (*Ovis aries*), kambing (*Capra hircus*), muskox (*Ovibos moschatus*), roe deer (*Capreolus capreolus*), reindeer (*Rangifer tarandus*), kijang besar (*Alces alces*), red deer (*Cervus elaphus*) dan fallow deer (*Dama dama*). Gen MC1R dikenal sebagai pengatur pusat warna bulu mamalia. Pengujian divergen antarspesies *Cervidae* dan *Bovidae* mencapai 5.3 -- 6.8% sedangkan divergen (perbedaan) antara famili *Cervidae* dan *Bovidae* masing-masing mencapai 1,0–3,1% dan 1,2–4,6%. Identitas yang lengkap yang ditemukan pada dua subspecies

reindeer, yaitu *Eurasian tundra reindeer* (*R.t. tarandus*) dan *Svalbard reindeer* (*R.t. platvrhynehus*) dianalisis. Pohon filogenetik berdasar sekuens MC1-R DNA pada *Bovidae* dan *Cervidae* sesuai dengan taksonomi dan didukung oleh analisis *bootstrapping*. Perbedaan frekuensi mutasi *silent* dengan *replacement* mutations, pohon filogenetik yang berdasar pada asam amino mengandung beberapa ketidaksesuaian bila dibandingkan dengan filogenetik yang berdasarkan DNA.

3. Identifikasi gen pengendali sifat kualitatif

Warna kulit/bulu mamalia merupakan salah satu contoh sifat kualitatif. Gen *Melanocyte stimulating hormone receptor* (MSHR) terlibat dalam penentuan warna kulit/bulu pada mamalia dengan mengontrol banyaknya *eumelanin* (hitam/coklat) dan *phaeomelanin* (merah/kuning). MSHR diaktivasi oleh *Alpha melanocyte stimulating hormone* (α -MSH). Alel gen MSHR yang mengkode reseptor aktif menghasilkan produksi *eumelanin* dan reseptor nonfungsional yang menghasilkan produksi *phaeomelanin* (Graphodatskaya et al., 2000).

Kungland (1999) melaporkan bahwa gen MC1R dikenal sebagai pengatur pusat warna bulu mamalia. Divergen gen MC1-R antarspesies *Cervidae* dan *Bovidae* mencapai 5,3 -- 6,8% sedangkan divergen (perbedaan) antarfamili *Cervidae* dan *Bovidae* masing-masing mencapai 1,0--3,1% dan 1,2 -- 4,6%. Susunan DNA pada gen MC1-R juga dapat digunakan untuk membangun pohon filogenetik walaupun hasilnya tidak sama dengan yang dibangun berdasarkan susunan asam amino. Perbedaan pohon filogenetik tersebut disebabkan oleh perbedaan frekuensi mutasi antara DNA dengan asam amino.

Brinda et al. (1999) menyatakan bahwa keragaman pada pewarnaan kulit/rambut manusia disebabkan oleh banyaknya *eumelanin* (melanin coklat/hitam) dan *phaeomelanin* (melanin merah/kuning) yang diproduksi oleh *melanocytes*. *Melanocortin 1 receptor* (MC1R) merupakan pengatur produksi *eumelanin* dan *phaeomelanin* dalam *melanocytes*. Mutasi MC1R menyebabkan

perubahan warna. Perbandingan tingkat substitusi gen pada famili reseptor *melanocortin* menunjukkan bahwa MC1R mengalami evolusi sangat cepat.

Graphodatskaya *et al.* (2000) melaporkan bahwa MSH-R yang distimulasi mampu mengkatifkan *adenylyl cyclase* (AC) sehingga terjadi peningkatan jumlah *adenosine mono phosphate* (AMP) siklik di dalam sel yang selanjutnya akan mengaktifkan enzim *tyrosinase*. Enzim tersebut melakukan sintesis *eumelanin*. Berdasarkan kemampuannya untuk meningkatkan cAMP intraseluler dan menghasilkan respon terhadap stimulasi oleh α -MSH. Alel merah resesif (e) pada *Red Holstein* dan *Simmental* serta alel hitam dominan (ED) pada *Holstein* tidak responsif pada konsentrasi α -MSH yang luas. Dua alel pada *Brown Swiss* (Ed1, Ed2) dan satu alel pada bangsa *Simmental* (ef) responsif terhadap stimulasi oleh α -MSH. Alel e MSH-R merupakan reseptor nonfungsional, alel ED merupakan reseptor yang diaktivasi secara konstitusi, sedangkan alel Ed1 dan Ed2 merupakan reseptor yang diaktivasi secara hormonal.

4. Polimorfisme gen pengendali sifat kualitatif

Polimorfisme dalam biologi molekuler diartikan sebagai mutasi pada titik tertentu dalam untai nukleotida yang mengakibatkan adanya lebih dari satu kelompok fenotip dari spesies yang sama dalam satu populasi. Kejadian tersebut merupakan hasil proses evolusi dan diwariskan pada keturunannya. Polimorfisme berhubungan dengan biodiversitas, keragaman genetik, dan adaptasi serta berfungsi mempertahankan keragaman performa dalam populasi pada lingkungan yang bervariasi (Smith, 1998).

Polimorfisme nukleotida tunggal atau *A single-nucleotide polymorphism* (SNP) merupakan keragaman sekuens DNA akibat perubahan nukleotida tunggal di dalam genom yang menyebabkan adanya perbedaan pasangan kromosom individu dalam populasi. Sebagai contoh, dua sekuens fragmen DNA dari individu yang berbeda, masing-masing AAGCCTA menjadi AAGCTTA. Alel C dan T terdapat

dalam contoh tersebut dan hampir seluruh SNPs hanya memiliki dua alel (Griffith and Smith, 2000).

Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) dapat terjadi pada sekuens *coding region of genes*, *non-coding region of genes*, atau *intron*. SNPs dalam *coding gene* tidak mengubah asam amino dari protein yang dihasilkan. SNPs dalam dua alel menghasilkan sekuens polipeptida yang sama yang disebut *synonymus polymorphism* (*silent mutation*). Apabila sekuens polipeptida yang dihasilkan berbeda maka polimorfisme tersebut dinyatakan sebagai *replacement polymorphism* (Smith, 1998).

Keragaman sekuens DNA dapat dideteksi sejak ditemukannya enzim restriksi, antara lain dengan teknik RFLP. *Restriction fragment length polymorphism* atau RFLP merupakan teknik pengujian keragaman sekuens DNA homolog berdasarkan kemampuan enzim restriksi untuk mengenali sisi fragmen yang harus dipotong. Sampel DNA yang diuji dipecah menjadi potongan oleh enzim restriksi dan menghasilkan fragmen restriksi. Fragmen restriksi dipisahkan berdasarkan ukuran panjangnya melalui *gel electrophoresis* (elektroforesis gel). Teknik dasar untuk mendeteksi RFLP melibatkan pembentukan fragmen sampel DNA oleh enzim restriksi. Enzim restriksi dapat mengenali dan memotong DNA dimana saja terjadi sekuens pendek yang spesifik dalam proses digesti restriksi (*restriction digest*). Fragmen DNA yang dihasilkan selanjutnya dipisahkan berdasarkan ukuran panjang DNA melalui proses yang disebut elektroforesis gel agaros (*agarose gel electrophoresis*) dan kemudian ditransfer kedalam membran dalam proses hibridisasi melalui prosedur *Southern blot* (Saiki et al., 1985).

Hibridisasi (*hybridization*) dari membran diberi label DNA *probe* dan kemudian dilakukan penentuan ukuran panjang fragmen yang merupakan pelengkap *probe*. Suatu RFLP terjadi apabila panjangnya fragmen yang terdeteksi bervariasi antarindividu. Setiap fragmen dipertimbangkan sebagai suatu alel dan dapat digunakan untuk analisis genetik. Sampai saat ini, teknik RFLP masih digunakan dalam *marker assisted selection* (MAS) (Saiki et al. 1985).

Purwoko et al. (2003) menyatakan bahwa RFLP merupakan salah satu teknik molekuler yang potensial untuk mendeteksi variasi genetik (polimorfisme). Teknik RFLP biasanya digabungkan dengan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Teknik PCR merupakan teknik yang digunakan untuk amplifikasi fragmen DNA. Amplifikasi tersebut dilakukan dalam mesin PCR. Reaksi amplifikasi terdiri dari DNA *template*, oligonukleotida primer, dNTPs, *buffer Taq DNA polymerase*. Proses amplifikasi terdiri dari beberapa tahapan yang meliputi *denaturasi*, *annealing*, *extension*, dan polimerase final. DNA hasil amplifikasi selanjutnya didigesti dengan enzim restriksi. Harris (1994) menyatakan bahwa gen dinyatakan polimorfik apabila frekuensi masing-masing alel tidak lebih dari 99 %.

Penelitian dilakukan dengan mengamplifikasi, mengklon ke dalam vektor plasmid, dan melakukan sekuensing terhadap sekuens pengkodean yang lengkap dari gen MSHR pada sapi Holstein, Red Holstein, Simmental, dan Brown Swiss . Empat varian yang berbeda dicirikan dengan adanya delesi satu G pada posisi 310 atau 311, substitusi basa T/C pada posisi 296, substitusi basa pada posisi 667 dan duplikasi 12 nukleotida pada posisi 650. Kombinasi sisi polimorfisme menghasilkan 5 alel yang berbeda dengan sekuens asam amino yang dihasilkan. Alel yang mengandung delesi menjadi bingkai pembuka yang ditemukan pada hewan bertubuh merah. Alel yang mengandung *proline* pada posisi 99, *arginin* pada posisi 223 dan kehilangan duplikasi ditemukan pada hewan berbulu hitam. Semua sapi *Brown Swiss* ternyata mengandung *leucine* pada posisi 99 dan tidak ada *delesi*, dua sisi lainnya polimorfik. Hasil yang dicapai mendukung hipotesis peneliti bahwa alel dengan *proline* pada posisi 99 mengkode reseptor aktif sementara alel dengan *frameshift* mengkode reseptor inaktif dan alel yang ditemukan pada sifat kuantitatif. *Brown Swiss* menghasilkan reseptor yang dikontrol oleh stimulasi α -MSH. Stimulasi sel yang mengekspresikan alel MSHR yang berbeda dengan α -MSH akan dikerjakan dalam pandangan penemuan perbedaan fungsional antar alel (Graphodatskaya et al., 2000).

5. Hasil Penelitian Sifat Kualitatif pada Sapi Krui dan Kambing Saburai

a. Sifat kualitatif sapi Krui

Hasil penelitian Ningsih *et al.* (2018) yang dilakukan pada 60 ekor sapi Krui jantan dan 60 ekor sapi Krui betina berumur sekitar dua tahun di Kecamatan Pesisir Selatan, Kabupaten Pesisir Barat, Provinsi Lampung memperoleh kesimpulan bahwa Sapi Krui memiliki tubuh berwarna coklat, memiliki gelambir, bentuk muka segitiga ramping, berpunuk kecil, bentuk tanduk *silak congklong*, dan warna ekor mengikuti warna dasar tubuh sapi serta terdapat rambut hitam pada ujung ekor.

Sebanyak 18,33 % sapi Krui jantan yang diamati memiliki kepala coklat belang krem, 18,33 % coklat belang putih, 15% coklat belang hitam, dan 10% putih. Sebanyak 21,67 % sapi Krui betina memiliki warna kepala coklat (21,67 %), coklat belang putih (26,67 %), dan coklat belang krem (6,67%). Sebagian besar sapi Krui memiliki warna kepala coklat belang putih yang berarti bahwa terdapat gen warna coklat yang mengontrol warna kepala Sapi Krui jantan maupun betina. Warna coklat tersebut mirip dengan pada Sapi Bali walaupun belum dapat dipastikan bahwa dalam genetik sapi Krui mengandung genetik Sapi Bali. Sapi Bali juga ditemukan di wilayah Pesisir Barat, Provinsi Lampung. Sutopo (2001) menyatakan bahwa sapi-sapi di Indonesia diduga merupakan keturunan sapi Bali. Pada sapi-sapi di Indonesia ditemukan karakter *haplotype*. *Haplotype* (haploid genotip) adalah sekelompok gen dalam organisme yang diwarisi bersama dari induk tunggal.

Sebanyak 75 % sapi Krui jantan dan 71,67 % sapi Krui betina memiliki bentuk muka segitiga ramping. Bentuk muka tersebut mirip dengan bentuk muka sapi Pesisir Sumatera Barat. Menurut Saladin (1983), sapi Pesisir jantan di Sumatera Barat memiliki muka pendek sedangkan bentuk muka sapi Pesisir betina memiliki muka agak panjang dan tipis (ramping).

Bentuk tanduk pada Sapi Krui jantan dikelompokkan kedalam 4 bentuk yaitu *silak congklong* 70% (42 ekor), melengkung ke dalam 1,67%

(1 ekor), *bajeg* 21,67% (13 ekor), dan *pendang* 6,66% (4 ekor). Sedangkan pada sapi betina yaitu *silak congklong* 76,67% (46 ekor), *manggulgangs* 1,67% (1 ekor), *bajeg* 10% (6 ekor), dan *pendang* 11,66% (7 ekor). Berdasarkan banyaknya sapi Krui dengan bentuk tanduk yang melengkung ke luar (*silak congklong*) maka bentuk tersebut dapat menjadi penciri Sapi Krui. Hal ini sesuai dengan pendapat Saladin (1983) bahwa Sapi Pesisir memiliki tanduk kecil dan mengarah ke luar.

Sebanyak sapi Krui jantan (66,67%) tidak memiliki punuk dan 33,33% memiliki punuk. Pada sapi Krui betina, 75% tidak memiliki punuk dan 25 % memiliki punuk. Hal ini berbeda dengan sapi Pesisir di Provinsi Sumatera Barat yang dilaporkan Saladin (1983) tidak memiliki tanduk. Sebagian besar Sapi Krui jantan (81,67%) dan sisanya (18,33 %) tidak memiliki gelambir, Pada sapi Krui betina, 85% memiliki gelambir dan 15 % tidak memiliki gelambir.

Hasil pengamatan memperlihatkan bahwa warna tubuh Sapi Krui jantan (23,33%) maupun betina (20%) didominasi oleh warna. Warna tubuh sapi Krui jantan maupun betina bervariasi dari warna tunggal (putih, coklat, hitam, dan merah bata), dua warna (putih belang coklat, putih belang hitam, coklat belang hitam, coklat belang krem, hitam belang krem), tiga warna (putih belang coklat dan hitam, putih belang hitam dan rem, putih belang coklat dan merah bata, coklat belang hitam dan merah bata), dan empat warna yaitu putih belang coklat, hitam, dan rem. Cokelat mendominasi warna bulu tubuh pada Sapi Krui yang berarti bahwa terdapat gen warna coklat yang mengontrol warna bulu tubuh Sapi Krui jantan maupun betina. Warna coklat tersebut mirip dengan pada Sapi Bali tetapi belum dapat diketahui dengan pasti apakah Sapi Krui tersebut mengandung genetik Sapi Bali atau tidak tetapi Sapi Bali juga ditemukan di wilayah Pesisir Barat. Warna ekor Sapi Krui sebagian besar mengikuti warna tubuh sapi tersebut dan semua sapi memiliki bulu kipas berwarna hitam yang terdapat pada ujung ekor. Gambar 1.1 menjelaskan warna tubuh sapi Krui dan bentuk tanduk yang banyak terdapat pada sapi Krui dan Gambar 2.1 menjelaskan warna ekor sapi Krui.



Gambar 1.1 Sapi Krui betina dengan warna kulit tubuh coklat dan bentuk tanduk silak *congklong*



Gambar 2.1 Sapi Krui dengan warna ekor sesuai dengan warna tubuh dan bulu kipas ekor berwarna hitam

b. Sifat kualitatif pada kambing Saburai

Hasil pengamatan pada populasi kambing Saburai memiliki sifat kualitatif sebagai berikut:

- a. Warna tubuh kombinasi coklat dan putih (Gambar 3.1) atau kombinasi hitam dan putih, atau putih seluruhnya (Gambar 5.1).
- b. Profil wajah datar dan tebal, rahang atas dan bawah rata (Gambar 5.1).
- c. Daun telinga membuka, terkulai lemas ke bawah, pendek (Gambar 6.1).
- d. Tanduk kuat dan panjang, melengkung ke belakang (Gambar 4.1).
- e. Bulu jenggot pada kambing jantan pendek (Gambar 3.1) tetapi tidak terdapat jenggot pada kambing betina (Gambar 5.1).
- f. Punggungnya lebar dengan perototan yang kuat (Gambar 3.1)..
- g. Ekor pendek, ada yang melengkung ke atas (Gambar 4.1) dan ada yang terkulai ke bawah (Gambar 7.1).
- h. Testis pada kambing jantan besar (Gambar 4.1).
- i. Ambing pada kambing betina besar



Gambar 3.1 Kambing Saburai jantan dilihat dari samping dengan warna tubuhnya kombinasi putih dan coklat, bulu jenggot pendek, punggungnya lebar dan perototannya kuat



Gambar 4.1 Konformasi tubuh kambing Saburai jantan yang besar, tanduknya besar, kuat, dan melengkung ke belakang, skrotum besar, ekor melengkung ke atas



Gambar 5.1 Kambing Saburai betina dengan warna tubuh putih dan kepala coklat, tidak berjenggot



Gambar 6.1 Kambing Saburai betina dengan profil wajah yang datar, kaki yang besar, telinga pendek dan melebar berwarna coklat



Gambar 7.1 Kambing Saburai dengan ekor berwarna putih dan posisinya ke bawah

D.Sifat Kuantitatif

1. Pengertian sifat kuantitatif

Sifat kuantitatif merupakan sifat yang dapat diukur dalam satuan, contohnya bobot badan, penambahan bobot badan harian, produksi susu, produksi telur. Sifat-sifat tersebut bersifat ekonomis, artinya memiliki nilai jual yang tinggi. Gen-gen aditif merupakan gen yang mengontrol sifat kuantitatif. Gen tersebut bersifat menambah atau mengurangi sifat kuantitatif. Jumlah gen yang mengontrol sifat kuantitatif lebih banyak daripada jumlah gen yang mengendalikan sifat kualitatif.

Sifat kuantitatif sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Contohnya bobot lahir, sapih, dan umur satu tahun kambing Saburai di Kecamatan Gisting masing-masing $3,3 \pm 0,4$ kg, $16,1 \pm 3,4$ kg, $37,2 \pm 5,0$ kg berbeda dengan di Kecamatan Sumberejo masing-masing $3,1 \pm 0,3$ kg, $14,9 \pm 3,7$ kg, $34,7 \pm 5,2$ kg. Perbedaan tersebut disebabkan oleh perbedaan manajemen pemeliharaan. Kambing-kambing di Kecamatan Gisting mendapat pakan campuran rumput dan leguminosa. Sifat kuantitatif Kambing di Kecamatan Sumberejo mendapat pakan berupa campuran hijauan leguminosa. Perbedaan jenis pakan tersebut mengakibatkan perbedaan kinerja pertumbuhan (Yuliani, 2016).

2. Karakteristik sifat kuantitatif

Sifat kuantitatif ditampilkan dalam bentuk angka yang memiliki satuan, berkisar dari nilai yang rendah sampai tinggi. Oleh karena itu karakteristik sifat kuantitatif berbeda dengan sifat kualitatif yaitu tidak dapat dikelompokkan dengan tegas. Identifikasi karakteristik sifat kuantitatif dalam populasi dilakukan dengan menggunakan metode biometri dan statistik dengan asumsi bahwa sifat kuantitatif ternak dalam populasi membentuk kurva yang terdistribusi normal. Kurva tersebut memiliki sumbu X (satuan waktu) dan sumbu Y (kinerja ternak).

Kinerja ternak dalam populasi tersebut bervariasi sehingga karakteristik sifat kuantitatif ternak dalam populasi dilakukan dengan

mengukur keragaman. Ukuran keragaman kinerja kuantitatif ternak dalam populasi meliputi probabilitas (kemungkinan), distribusi binomial, *Chi-square*, kurva normal dan *mean*, keragaman, simpangan baku, koefisien keragaman, korelasi, regresi, dan analisis keragaman.

a. Probabilitas (Kemungkinan)

Sifat kualitatif lebih mudah digunakan untuk menjelaskan probabilitas. Keragaman sifat kualitatif dalam populasi dapat dilakukan dengan memasukkan masing-masing individu ke dalam kelompok tertentu. Diagram frekuensi menunjukkan proporsi populasi yang memiliki kualitas tertentu. Hasil pengamatan sifat kuantitatif dapat dinyatakan dalam perbandingan atau rasio, misalnya rasio jenis kelamin jantan dan betina dalam populasi ternak 1:1 atau 3:1. Rasio tersebut diharapkan menjadi dasar pewarisan sifat. Hal yang perlu diperhatikan adalah jumlah sampel pengamatan. Rasio hasil pengamatan sesuai dengan harapan apabila jumlah sampel pengamatan besar. Penyimpangan rasio hasil pengamatan dapat menyimpang dari rasio yang diharapkan bila dilakukan dalam populasi dengan jumlah sampel yang sedikit (Legates dan Warwick, 1990).

Contoh teori kemungkinan dapat diberikan melalui pelemparan mata uang logam yang memiliki dua permukaan. Kemungkinan untuk mendapatkan satu permukaan mata uang dalam satu pelemparan adalah $\frac{1}{2}$. Kemungkinan untuk mendapatkan satu permukaan mata uang logam dalam dua kali lemparan mata uang adalah $(\frac{1}{2})(\frac{1}{2})=1/4$.

Kemungkinan untuk memperoleh salah satu permukaan mata uang logam (misalnya dinyatakan sebagai permukaan atas atau A) dalam satu lemparan dapat dinyatakan dengan p dan untuk memperoleh permukaan lainnya (misalnya dinyatakan sebagai permukaan bawah atau B) dinyatakan dengan q . Jumlah dua kemungkinan untuk mendapatkan permukaan atas dan bawah dalam satu lempira mata uang logam adalah $p+q = (1/2)+(1/2) = 1,0$.

Teori kemungkinan yang terjadi pada dua kali lemparan mata uang logam dapat dirumuskan dengan persamaan sebagai berikut:

$$(1/4)(AA) + (1/4)(AB) + (1/4)(BA) + (1/4)(BB) = p^2 + pq + qp + q^2 = 1,0.$$

Pelemparan mata uang logam terjadi secara bebas merupakan hasil kali kemungkinan kejadian satu lemparan. Besarnya kemungkinan mendapatkan salah satu permukaan mata uang dari tiga kali lemparan mata uang logam adalah : $(1/2)(1/2)(1/2) = 1/8$.

b. Distribusi binomial

Rumus teori kemungkinan $p^2 + pq + qp + q^2 = 1,0$ dapat diturunkan menjadi rumus binomial $(p + q)^n$ (p sama dengan q maksimum $1/2$, n = jumlah pengamatan). Teori binomial untuk pelemparan mata uang logam sebanyak tiga kali sebagai berikut:

$$(p + q)^3 = p^3 + 3p^2q + 3pq^2 + q^3.$$

Koefisien masing-masing unsur dalam perluasan binomial dapat diperoleh dengan mengalikan koefisien dalam unsur yang ada dengan eksponen p dan membaginya dengan jumlah unsur yang ada dalam rumus. Koefisien dan eksponen p pada unsur kedua ($3p^2q$) masing-masing 3 dan 2. Koefisien dari unsur ketiga ($3pq^2$) adalah $(2 \times 3)/2 = 3$. Unsur q^3 menunjukkan kejadian tiga permukaan bawah mata uang logam yang besarnya kemungkinan $1/8$. Sebanyak 8 kemungkinan muncul dari tiga kali lemparan mata uang logam. Kemungkinan terjadinya dua permukaan atas dan satu permukaan bawah mata uang logam atau satu permukaan atas dan dua permukaan bawah dari tiga kali lemparan adalah $3/8$. Jumlah total kemungkinan adalah $1/8 + 3/8 + 3/8 + 1/8 = 1,0$.

Prosedur tersebut dapat digunakan pada kasus yang lebih rumit yaitu pada kemungkinan kejadian yang tidak sebesar $1/2$ tetapi $3/4$ atau $1/4$ bahkan lebih dari dua alternatif dengan dua atau multipel alel pada lokus yang spesifik. Penghitungan dilakukan dengan mengikuti beberapa langkah. Pertama, menemukan kemungkinan masing-masing kejadian secara terpisah. Nilai ini disisipkan ke dalam tempat yang

sesuai dalam ekspansi binomial (polinomial). Khusus untuk kasus tiga alternatif, maka pengujian kemungkinan individu dilakukan dengan menggunakan trinomial $(p + q + r)^n$.

Teori binomial dapat digunakan dalam pemuliaan ternak, n merupakan jumlah pengamatan. Penghitungan kemungkinan dua kejadian dapat dilakukan tanpa perlu memperluas binomial tetapi dengan menggunakan rumus sebagai berikut:

$$\frac{n!}{r!s!} p^r q^s$$

Keterangan:

n faktorial = total jumlah kejadian yang terlibat

s faktorial = jumlah alternatif lain ($r + s = n$)

p = kemungkinan atau harapan mencapai alternatif pertama

q = kemungkinan atau harapan mencapai alternatif lain ($p + q = 1,0$).

Salah satu contohnya adalah kemungkinan dilahirkannya anak jantan atau betina dalam satu kelahiran adalah $\frac{1}{2}$, maka kemungkinan dilahirkannya 4 ekor anak betina dan 4 ekor anak jantan dari 8 kelahiran dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$\frac{8!}{4!4!} \left(\frac{1}{2}\right)^4 \left(\frac{1}{2}\right)^4 = \frac{(8 \times 7 \times 6 \times 5 \times 4 \times 3 \times 2 \times 1)}{(4 \times 3 \times 2 \times 1)(4 \times 3 \times 2 \times 1)} \left(\frac{1}{2}\right)^4 \left(\frac{1}{2}\right)^4 = \frac{70}{256} = 0,273$$

Hasil perhitungan (0,273) menunjukkan bahwa terdapat satu kemungkinan kelahiran anak jantan atau betina dari 4 kelahiran.

c. Chi-square

Chi square (X^2) digunakan untuk menguji kesesuaian antara hasil pengamatan dengan hasil yang diharapkan berdasarkan hipotesis genetik. Langkah pertama dilakukan dengan menentukan hipotesis yang diuji. Selanjutnya, kontribusi masing-masing kelas di dalam nilai rasio

untuk *chi-square* dihitung dengan cara menghitung kuadrat perbedaan antara jumlah pengamatan (O) dan jumlah yang diharapkan (E) dalam masing-masing kelas dan dibagi dengan jumlah yang diharapkan. Hasil masing-masing kelas dijumlahkan untuk menghitung nilai *chi-square* dengan rumus sebagai berikut:

$$X^2 = \frac{(O - E)^2}{E}$$

Contoh perhitungan *chi-square* dilakukan pada populasi sapi yang terdiri dari 83 ekor sapi hitam dan 17 ekor sapi merah. Populasi tersebut merupakan hasil perkawinan antara tetua heterosigot Bb. Gen B yang mengontrol warna hitam pada sapi tersebut beraksi secara dominan sehingga hipotesis yang diajukan pada F1 adalah sapi hitam : sapi merah = 3 :1. Proporsi fenotip sapi pada F1 tersebut dapat dijelaskan melalui bagan perkawinan antarsapi hitam dengan genotip Bb dan Bb pada Gambar 8.1.

			Fenotip	Genotip
	Fenotip		Betina hitam	Bb
Fenotip	Jantan hitam	Alel	B	b
Genotip	BB	B	BB (Hitam)	Bb (Hitam)
		b	Bb (Hitam)	bb (Merah)

Gambar 8.1 Bagan perkawinan antara sapi jantan hitam (BB) dan sapi hitam betina (Bb)

Proporsi sapi hitam dan merah dalam populasi (frekuensi kenyataan) tersebut diuji kesesuaiannya dengan proporsi fenotip yang diharapkan seperti dalam bagan perkawinan Gambar 8.1. Proporsi fenotip yang diharapkan (E) dihitung dengan cara sebagai berikut:

Hipotesis yang diajukan: adalah:

H_0 : Frekuensi kenyataan = frekuensi harapan

H_A : Frekuensi kenyataan \neq frekuensi harapan.

Proporsi hitam : merah = 3 : 1

Jumlah ternak = 83 + 37 = 120 ekor

Jumlah sapi hitam yang diharapkan = $(\frac{3}{3+1})(120) = 90$

Jumlah sapi merah yang diharapkan = $(\frac{1}{3+1})(120) = 30$

Pengujian dilakukan dengan uji *Chi-square* seperti pada Tabel 1.1.

Tabel 1.1 Uji *chi square* proporsi sapi hitam dan merah dalam populasi

Kelas	Frekuensi pengamatan (O)	Frekuensi harapan (E)	Selisih O-E	$X^2 = \frac{(O - E)^2}{E}$
Hitam	83	90	7	0,54
Merah	37	30	7	1,63
Jumlah	120	120	X^2	2,17

Nilai *chi-square* (X^2) hitung = 2,17 selanjutnya dibandingkan dengan tabel *chi-square* pada tingkat kepercayaan 0,05 (5%) dan derajat bebas 1 (Tabel 2.1).

Tabel 2. 1 *Chi square* pada tingkat kepercayaan 0,01 (1,0 %) – 0,99 (99,0 %) dan derajat bebas 1 – 20

	Tingkat kepercayaan						
Derajat bebas	0,99	0,95	0,75	0,50	0,10	0,05	0,01
1	0,00	0,00	0,10	0,45	2,71	3,84	6,63
2	0,02	0,10	0,58	1,39	4,61	5,99	9,21
3	0,12	0,35	1,21	2,37	6,25	7,82	11,34
4	0,30	0,71	1,92	3,36	7,78	9,49	13,28
5	0,55	1,15	2,67	4,35	9,24	11,07	15,09
6	0,87	1,64	3,45	5,35	10,64	12,59	16,81
7	1,24	2,17	4,25	6,35	12,02	14,07	18,48
8	1,65	2,73	5,07	7,35	13,36	15,51	20,09
9	2,09	3,33	5,90	8,34	14,68	16,92	21,67
10	2,56	3,94	6,74	9,34	15,99	18,31	23,21
20	8,26	10,85	15,45	19,34	28,41	31,41	37,57

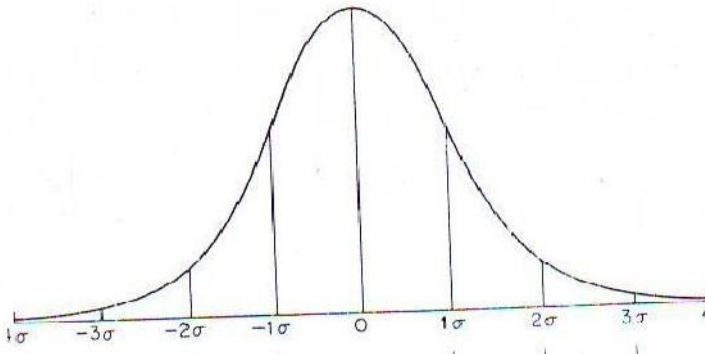
Derajat bebas diperoleh dari jumlah kelas atau kelompok yang diuji dikurangi 1. Banyaknya kelas dalam contoh soal di atas adalah hitam dan merah sehingga jumlahnya 2, maka derajat bebasnya 1. Tabel *chi-square* terdapat pada Tabel 2.1. Nilai X^2 hitung = 2,71 ternyata lebih rendah daripada nilai pada tabel *chi-square* dengan derajat bebas dan tingkat kepercayaan 0,05 (3,84). Kesimpulannya, H_0 diterima, artinya frekuensi kenyataan sama dengan frekuensi harapan.

d. Kurva normal dan mean

Produktivitas ternak diukur berdasarkan level produksi yang dicapai ternak. Nilai ekonomis ternak dinilai berdasarkan level produksi tersebut sehingga sifat-sifat produksi merupakan sifat-sifat ekonomis. Sifat-sifat ekonomis dipengaruhi oleh banyak pasangan gen pada sejumlah lokus dan oleh banyak faktor lingkungan. Hal tersebut mengakibatkan sifat-sifat produksi diukur secara kuantitatif. Setiap individu memiliki ukuran kuantitatif yang berbeda, maka sifat produksi dalam populasi memiliki keragaman (*variance*) dan tendensi pusat. Deskripsi tentang tendensi pusat dan keragaman ukuran sifat kuantitatif dalam populasi disebut parameter.

Populasi mencakup sekelompok individu dalam jumlah besar sehingga memerlukan banyak waktu, tenaga, dan biaya untuk mengukurnya. Hal tersebut dapat dipersingkat dengan mengukur sampel pengamatan. Statistik dapat dimanfaatkan untuk melengkapi estimasi parameter populasi berdasarkan sampel pengamatan. Ukuran sampel pengamatan seharusnya tidak terlalu kecil agar menghasilkan informasi yang dapat dipercaya dalam mewakili populasi.

Sifat-sifat biologis yang diukur pada populasi dan selanjutnya ditampilkan dalam kurva dengan sumbu X sebagai satuan waktu dan sumbu Y sebagai ukuran produksi menunjukkan bahwa sifat-sifat biologis pada makhluk hidup terdistribusi secara normal. Kurva distribusi normal tersebut memiliki titik tengah yang menipis secara simetris ke arah nilai ekstrim. Kurva distribusi normal terdapat pada Gambar 2.2.



Gambar 9.1 Kurva normal yang menunjukkan wilayah dengan satu, dua, tiga, dan empat salah baku dari *mean*

Tiga ukuran umum tendensi pusat yaitu median, modus, dan *mean*. Median menunjukkan nilai separuh kelas antara dua nilai ekstrim. Modus menggambarkan kelas dengan frekuensi tertinggi. *Mean* adalah rata-rata seluruh hasil pengukuran dalam populasi. *Mean* (dilambangkan dengan μ) merupakan parameter statistik yang sangat bermanfaat di dalam menduga tendensi pusat dari populasi. Hal tersebut disebabkan sampel pengamatan dari populasi yang terdistribusi secara normal dapat menyimpang dari kondisi normal.

Mean populasi merupakan rata-rata aritmatika seluruh nilai hasil pengukuran dalam populasi. Rata-rata aritmatika hasil penghitungan dari sampel dilambangkan dengan \bar{x} . Hasil pengukuran terhadap individu dalam sampel tersebut dinyatakan dengan $X_1, X_2, X_3, \dots, X_n$. *Mean* sampel (\bar{x}) dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$\bar{x} = \frac{(X_1 + X_2 + X_3 + \dots + X_n)}{n}$$

Keterangan: n = jumlah sampel pengamatan.

Penggunaan rumus *mean* sampel pada populasi kambing Saburai terdapat pada Tabel 3.1.

e. Keragaman (Variance)

Derajat penyebaran atau keragaman sifat dalam populasi dapat dinyatakan sebagai rata-rata penyimpangan atau perbedaan dari *mean*. Keragaman yang dilambangkan dengan σ^2 merupakan rata-rata kuadrat penyimpangan hasil pengukuran kinerja individu dari populasi. Keragaman dari sampel pengamatan dilambangkan dengan s^2 . Estimasi keragaman sampel dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$s^2 = \frac{(X_1 - \bar{x})^2 + (X_2 - \bar{x})^2 + \dots + (X_n - \bar{x})^2}{n - 1}$$

Keterangan:

s^2	=keragaman sampel
X_1, X_2, \dots, X_n	=kinerja individu ke-1, ke-2,..ke-n
\bar{x}	=rata-rata kinerja seluruh sampel pengamatan
n	= jumlah sampel pengamatan

Nilai keragaman populasi maupun sampel selalu positif dengan batas terendah nol. Penggunaan rumus keragaman terdapat pada Tabel 3.1. Keragaman sampel bobot lahir kambing Saburai 10,99 dan bobot sapih 176,08. Jumlah kuadrat dari simpangan mean dibagi dengan n-1 untuk menghitung rata-rata simpangan kuadrat. Keragaman bobot lahir dan bobot sapih tersebut disebabkan oleh faktor genetik dan faktor lingkungan.

Tabel 3.1 Bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai di Kecamatan Sumberejo, Kabupaten Tanggamus

No	Bobot sapih (X)	Bobot sapih (Y)	Simpangan dari		Kuadrat dan hasil kali		
			x	y	x^2	xy	y^2
1	3,0	8,5	-0,2	-4,5	0,04	0,90	20,25
2	3,9	14,5	0,6	1,5	0,36	0,90	2,25
3	3,3	12,0	0,1	-1,0	0,01	-0,10	1,00
4	3,0	15,5	-0,3	2,5	0,09	-0,75	6,25
5	3,7	12,0	0,4	-1,0	0,16	-0,40	1,00
6	2,6	12,0	-0,6	-1,0	0,36	0,60	1,00
7	3,5	14,0	0,2	1,0	0,04	0,20	1,00
8	3,0	13,8	-0,2	0,8	0,04	-0,16	0,64
9	2,9	10,5	-0,4	-2,5	0,16	1,00	6,25
10	3,0	13,3	-0,2	0,3	0,04	-0,06	0,09
11	2,9	14,3	-0,4	1,3	0,16	-0,52	1,69
12	3,4	13,9	0,2	0,9	0,04	0,18	0,81
13	2,7	12,0	-0,5	-1,0	0,25	0,50	1,00
14	3,4	13,8	0,1	0,8	0,01	0,08	0,64
15	3,2	11,9	-0,1	-1,1	0,01	0,11	1,21
16	3,4	12,0	0,2	-1,0	0,04	-0,20	1,00
17	3,1	12,3	-0,1	-0,7	0,01	0,07	0,49
18	3,8	14,0	0,5	1,0	0,25	0,50	1,00
19	3,3	11,9	0,1	-1,1	0,01	-0,11	1,21
20	3,7	13,3	0,4	0,3	0,16	0,12	0,09

21	3,8	15,5	0,6	2,5	0,36	1,50	6,25
22	3,3	13,1	0,0	0,1	0,00	0,00	0,01
23	3,6	13,8	0,4	0,8	0,16	0,32	0,64
24	3,3	13,8	0,1	0,8	0,01	0,08	0,64
25	3,7	13,8	0,5	0,8	0,25	0,40	0,64
26	3,3	13,5	0,0	0,5	0,00	0,00	0,25
27	3,0	12,5	-0,3	-0,5	0,09	0,15	0,25
28	3,1	13,8	-0,2	0,8	0,04	-0,16	0,64
29	3,1	12,2	-0,2	-0,8	0,04	0,16	0,64
30	3,1	12,3	-0,2	-0,7	0,04	0,14	0,49
Jumlah	97,3	389,2	0,0	0,0	3,23	5,45	59,32
Rata-rata	3,2	13,0			$s_x^2 = 0,11$	$s_{xy} = 0,19$	$s_y^2 = 2,05$
Simpang-an baku					$s_x = 0,33$	$s_{xy} = 0,43$	$s_y = 1,43$

f. Koefisien keragaman

Keragaman sifat yang diukur pada unit yang berbeda seringkali perlu untuk dibandingkan. Hal tersebut dapat dilakukan dengan menghitung persentase salah baku dari mean. Persentase salah baku terhadap mean dinamakan koefisien keragaman (KK). Rumus KK sebagai berikut:

$$KK = \frac{(s)(100)}{\bar{x}}$$

Keterangan:

s = simpangan baku sampel pengamatan

\bar{x} = mean

Besarnya KK bobot lahir kambing Saburai pada Tabel 3.1. dapat dihitung sebagai berikut:

$$\text{KK bobot lahir} = \frac{(0,33)(100)}{3,20} = 10,22 \%$$

Besarnya KK bobot sapih kambing Saburai dihitung sebagai berikut:

$$\text{KK bobot sapih} = \frac{(1,43)(100)}{59,32} = 2,41 \%$$

Koefisien keragaman bobot lahir kambing Saburai lebih tinggi daripada bobot sapih. Hal tersebut menunjukkan bahwa bobot lahir kambing Saburai lebih bervariasi daripada bobot sapih.

g. Korelasi

Korelasi antara dua sifat dalam sekelompok individu seringkali menarik untuk dipelajari. Contohnya korelasi antara bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai. Korelasi antara dua sifat diukur dengan koefisien korelasi yang dilambangkan dengan r . Koefisien korelasi adalah derajat keterkaitan antara dua sifat atau peubah dalam sampel atau populasi. Nilai korelasi berkisar antara $-1,0$ sampai $+1,0$. Korelasi bernilai $+1,0$ menunjukkan bahwa untuk setiap peningkatan satu peubah terdapat peningkatan pada sifat yang berkorelasi. Korelasi bernilai nol menunjukkan tidak terdapat keterkaitan antara dua sifat.

Koefisien korelasi (r) dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$r = \frac{\sum xy}{\sqrt{(\sum x^2)(\sum y^2)}}$$

Koefisien korelasi antar bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai berdasarkan data pada Tabel 3.1 dihitung sebagai berikut:

$$r_{BL-BS} = \frac{5,45}{\sqrt{(3,23)(59,32)}} = \frac{5,45}{13,84} = 0,39$$

Korelasi dan keragaman berhubungan namun memiliki cara pandang yang berbeda terhadap sampel atau populasi. Kuadrat dari koefisien korelasi (r^2) mengukur bagian dari keragaman dalam suatu peubah (misalnya y) yang dapat dihitung melalui keragaman peubah yang berkaitan (misalnya x). Kuadrat dari korelasi ($0,39^2 = 0,15$) menunjukkan bahwa 15% keragaman bobot sapih berkaitan dengan keragaman bobot lahir. Sisanya ($100\% - 15\% = 85\%$) berkaitan dengan keragaman lain selain bobot lahir.

h. Regresi

Koefisien regresi (dilambangkan dengan b) mengukur besarnya kesempatan satu peubah yang berkaitan dengan perubahan satu unit dalam peubah kedua. Rumus koefisien regresi sebagai berikut:

$$b_{xy} = \frac{\sum xy}{\sum x^2}$$

Berdasarkan data pada Tabel 3.1 dapat dijelaskan berapa kilogram perubahan dalam bobot sapih terhadap rata-rata berkaitan dengan perubahan setiap kilogram dalam bobot lahir. Besarnya koefisien regresi antara bobot lahir (x) dan bobot sapih (y) kambing Saburai sebagai berikut:

$$b_{xy} = \frac{5,45}{3,23} = 1,69.$$

Diagram yang menggambarkan regresi linier antara bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai pada Tabel 3.1 terdapat pada Gambar 2.1.

Koefisien regresi dan koefisien korelasi berkaitan. Koefisien regresi 1,69 menunjukkan bahwa setiap perubahan bobot lahir sebesar 1,0 kg diharapkan mengubah bobot sapih 1,69 kg. Seluruh titik pada Gambar 2.1 terdapat pada garis regresi apabila korelasi antara bobot lahir dan

bobot sapih sempurna. Bobot sapih dapat diduga berdasarkan data bobot lahir. Hal tersebut menunjukkan bahwa antara koefisien korelasi dan regresi terdapat keterkaitan sehingga koefisien regresi (b) dapat dihitung berdasarkan koefisien korelasi (r) dengan rumus sebagai berikut:

$$b_{xy} = r \frac{S_y}{S_x}$$

Koefisien regresi antara dua peubah tersebut digunakan untuk memprediksi besarnya peubah kedua berdasarkan peubah pertama dengan rumus sebagai berikut:

$$Y = \bar{Y} + \frac{\sum xy}{\sum x^2} (X - \bar{X}) = \bar{Y} + b_{xy} (X - \bar{X})$$

Besarnya koefisien regresi antara bobot lahir dan bobot sapih kambing Saburai berdasarkan data pada Tabel 3.1 sebagai berikut:

$$b_{xy} = 0,39 \left(\frac{1,43}{0,33} \right) = 1,69$$

Koefisien regresi antara bobot lahir dan bobot sapih tersebut digunakan untuk menduga bobot sapih berdasarkan data bobot lahir kambing Saburai pada Tabel 3.1. Pada bobot lahir 3,1 kg, maka bobot sapih kambing Saburai diprediksi sebesar:

$$Y = 13,0 + \frac{5,45}{3,23} (3,1 - 3,2) = 13,0 + 1,69(3,1 - 3,2) = 12,83 \text{ kg}$$

Berdasarkan rumus Y dugaan, maka dengan bobot lahir 3,1 kg diperoleh bobot sapih dugaan 12,83 kg. Pada bobot lahir 3,1 kg ternyata memiliki bobot sapih yang bervariasi, antara lain 13,0 kg, 12,2 kg, dan 12,3 kg.

i. Analisis keragaman

Total keragaman dapat dibagi menjadi komponen komponen genetik dan lingkungan. Pemisahan komponen tersebut bermanfaat dalam pemuliaan ternak. Contohnya pada data bobot sapih kambing Kacang hasil penelitian Sulastri (2014).

Derajat bebas atau *degrees of freedom* (d.f.) merupakan jumlah item bebas pada kelompok sumber keragaman yang diperoleh dari jumlah sumber keragaman dikurangi satu ($n - 1$). Jumlah kuadrat atau *sum of squares* (S.S.) merupakan jumlah kuadrat simpangan pengukuran. Jumlah kuadrat antaranak dalam pejantan dapat digambarkan sebagai jumlah kuadrat simpangan dari *mean* bobot sapih anak per pejantan.

Jumlah kuadrat (S.S.) dibagi derajat bebas menghasilkan kuadrat tengah atau *mean squares* (M.S.). Kuadrat tengah tersebut menggambarkan keragaman berdasar kelompok sumber keragaman dan selanjutnya dipisahkan menjadi komponen keragaman dari sumber keragaman.

Berdasarkan Tabel 4.1, keragaman bobot sapih antaranak disebabkan oleh genetik pejantan yang hanya memperhitungkan genetik pejantan karena hubungan antaranak merupakan saudara tiri seapak. Tiap ekor pejantan mengawini beberapa ekor induk (dalam contoh ini 20 ekor) dan tiap induk melahirkan anak satu ekor. Komponen keragaman dari sumber keragaman antarpejantan terdiri dari komponen keragaman antaranak (σ_w^2) dan antarpejantan (σ_s^2). Rumus komponen keragaman dalam contoh tersebut adalah $\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$ yang nilainya sama dengan M.S. pejantan (MSs) atau $MSs = \sigma_w^2 + k\sigma_s^2$. Keragaman bobot sapih antaranak dalam pejantan (σ_w^2) disebabkan oleh perbedaan genetik yang berasal dari induk dan lingkungan.

Pejantan yang digunakan dalam pengamatan ini berjumlah 5 ekor sehingga derajat bebas pada sumber keragaman antarpejantan 4 yang berasal dari $5-1=4$. Derajat bebas pada sumber keragaman antaranak

dalam pejantan diperoleh dari jumlah total anak yang datanya digunakan dalam analisis (100 ekor) dikurangi jumlah pejantan (5 ekor).

Tabel 4.1. Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas bbobot sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri seapak model *balanced design*

SK(SV)	db (df)	JK (SS)	KT(MS)	KTH (EMS)
Antar pejantan	= s-1 = 5 - 1 = 4	JKs (SSs) = 73,54	KTs (MSs) =73,54/4 =18,385	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$ = $\sigma_w^2 + 20\sigma_s^2$ =18,385
Anak dalam pejantan	n.-s =100 - 5 = 95	JKw (SSw) = 529,45	KTw(MSw) = 529,45/95 = 5,5731	$\sigma_w^2 = 5,5731$

3. Polimorfisme pada sifat kuantitatif

Hasil penelitian Sulastri (2014) menunjukkan bahwa polimorfisme gen GH pada 34 cempe Saburai menunjukkan bahwa baik genotip BB maupun CC serta DD tidak terdapat pada seluruh individu yang diamati. Hasil identifikasi genotip dengan menggunakan SNPs A781G dan SNP A1575G pada gen GH cempe-cempe Saburai digunakan untuk menghitung frekuensi alel dan genotip. Hasil penelitian menunjukkan bahwa frekuensi alel A, B, C, dan D masing-masing 0,68, 0,32, 0,50, dan 0,50. Berdasarkan hasil penelitian dapat diketahui bahwa gen GH cempe Saburai bersifat polimorfik karena frekuensi alel-alel dalam gen GH yang diamati masing-masing lebih rendah daripada 0,99. Gen dinyatakan bersifat polimorfik apabila alel-alel yang terdapat pada gen tersebut tidak lebih dari 0,99 (Harris, 1994).

Hasil penelitian menunjukkan bahwa kinerja pertumbuhan prasapah cempes Saburai betina dengan genotip AB lebih tinggi daripada genotip AA. Kinerja pertumbuhan prasapah cempes Saburai dengan genotip AB yang lebih tinggi kinerja pert tersebut menunjukkan bahwa keragaman (polimorfisme) gen GH memiliki keterkaitan dengan kinerja pertumbuhan prasapah kambing Saburai. Polimorfisme gen dinyatakan terkait dengan kinerja tertentu apabila keragaman tersebut mampu mengelompokkan kinerja pada kelompok yang berbeda secara tegas (Hua *et al.*, 2009).

Sifat-sifat pertumbuhan saat lahir pada individu-individu dengan genotip AB masing-masing lebih tinggi daripada genotip AA kecuali pada panjang badan saat lahir yang tidak menunjukkan perbedaan secara statistik ($P > 0,05$). Kinerja pertumbuhan saat sapah dari individu-individu dengan genotip AB juga lebih tinggi daripada kinerja pada individu-individu dengan genotip AA.

Rata-rata bobot lahir (BL), panjang badan saat lahir (PBL), dan lingkaran dada saat lahir (LDL) kambing Saburai dengan genotip AB ($3,04 \pm 0,20$ kg; $15,03 \pm 0,55$ cm; $15,18 \pm 0,55$ cm) lebih tinggi ($P < 0,05$) daripada genotip AA (BL $2,94 \pm 0,05$ kg; PBL $12,83 \pm 0,76$ cm; LDL $14,46 \pm 0,21$ cm). Rata-rata bobot sapah (BS), panjang badan saat sapah (PBS), dan lingkaran dada saat sapah (LDS) kambing Saburai dengan genotip AB ($29,92 \pm 1,01$ kg; $50,40 \pm 1,13$ cm; $60,93 \pm 1,92$ cm) lebih tinggi ($P < 0,05$) daripada genotip AA (BS $29,56 \pm 0,67$ kg; PBS $49,44 \pm 0,85$ cm; LDS $59,44 \pm 0,81$ cm).

Berdasarkan uraian tersebut diketahui bahwa polimorfisme gen GH kambing Saburai betina pada *exon 2* yang dideteksi dengan menggunakan SNPs A781G memiliki keterkaitan dengan kinerja pertumbuhan prasapah. Oleh karena itu, polimorfisme gen GH diduga dapat digunakan sebagai penanda dalam seleksi kinerja pertumbuhan prasapah kambing Boerawa. Penelitian lain juga menunjukkan adanya keterkaitan antara polimorfisme gen GH yang dideteksi dengan menggunakan SNPs A781G pada *exon 2* tersebut dengan kinerja pertumbuhan prasapah dan pascasapah Boer jantan (Hua *et al.*, 2009).

Gen-gen yang memengaruhi sifat-sifat poligenik seperti halnya produksi daging dan produksi susu tidak diketahui dengan pasti namun sejumlah gen kandidat (*candidate gene*) dapat digunakan sebagai pendekatan untuk mengidentifikasi gen-gen yang bertanggung jawab terhadap keragaman sifat-sifat poligenik. Proses tersebut meliputi seleksi gen kandidat berdasarkan hubungan antara proses fisiologis atau biokemis yang terlibat dalam ekspresi penotip selanjutnya menguji gen-gen terseleksi sebagai *putative quantitative trait loci* (QTL) (Yao et al., 1996).

E. Ringkasan

Setiap individu menampilkan kinerja tertentu dalam kisaran yang bervariasi sesuai dengan potensi genetiknya. Kinerja ternak dapat dikelompokkan menjadi sifat kualitatif dan sifat kuantitatif. Kinerja atau penampilan ternak yang dapat dilihat tetapi sulit untuk diukur dalam satuan tetapi menunjukkan tingkat kemurnian rumpun atau bangsa ternak disebut sifat kualitatif. Karakteristik sifat kualitatif adalah dapat dikelompokkan dengan tegas, sedikit dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan dikendalikan hanya oleh beberapa pasang gen. Manfaat sifat kualitatif adalah sebagai dasar identifikasi karakteristik rumpun ternak. Sifat kuantitatif merupakan sifat yang dapat diukur dalam satuan, contohnya bobot badan, penambahan bobot badan harian, produksi susu, produksi telur. Karakteristik sifat kuantitatif adalah dapat dijelaskan melalui metode statistik antara lain probabilitas, distribusi normal, *chi-square*, kurva normal dan *mean*, keragaman, simpangan baku, koefisien keragaman, koefisien korelasi, koefisien regresi, dan analisis keragaman. Manfaat sifat kuantitatif adalah sebagai dasar seleksi, persilangan, dan penentuan harga jual.

F.Latihan

Jawablah pertanyaan-pertanyaan di bawah ini dengan jelas!

1. Jelaskan dengan memberi contoh bahwa sifat kualitatif hanya sedikit dipengaruhi oleh faktor lingkungan!
2. Jelaskan bahwa sifat kuantitatif lebih banyak dipengaruhi oleh faktor lingkungan daripada sifat kualitatif!
3. Jelaskan bahwa kinerja kuantitatif dipengaruhi oleh interaksi antara faktor genetik dan lingkungan!
4. Tuliskan salah satu manfaat sifat kualitatif dalam pemuliaan ternak!
5. Tuliskan beberapa gen yang mengendalikan sifat kualitatif pada beberapa spesies ternak!
6. Jelaskan apa yang dimaksud dengan polimorfisme gen!
7. Tuliskan salah satu contoh polimorfisme gen yang mengontrol sifat kualitatif!
8. Tuliskan lima macam rumus statistik dan penjelasannya yang merupakan karakteristik sifat kuantitatif!
9. Tulislah salah satu contoh polimorfisme gen dalam sifat kuantitatif dan jelaskan!
10. Tuliskan perbedaan sifat kualitatif dan kuantitatif pada ternak!.
11. Hitunglah kemungkinan dilahirkannya 2 ekor pedet jantan dan 3 ekor pedet betina dari 5 kelahiran bila kemungkinan dilahirkannya pedet jantan maupun betina masing-masing sebesar 0,5!
12. Data bobot sapih dan bobot umur satu tahun kambing Saburai di Kecamatan Sumberejo terdapat pada Tabel 5.1

Hitunglah rata-rata dan salah baku masih-masih sifat, keragaman masing-masing sifat, koefisien keragaman masing-masing sifat, koefisien korelasi antara kedua sifat, dan rumus regresi yang menyatakan hubungan antara bobot sapih (X) dengan bobot umur satu tahu (Y).

Tabel 5.1 Data bobot sapih dan bobot umur satu tahun Kambing Saburai di Kabupaten Tanggamus

No	Bobot Lahir (kg)	Bobot Setahunan (kg)
1	12,8	35,3
2	12,0	28,9
3	12,0	28,7
4	12,1	30,3
5	10,8	26,5
6	10,6	30,1
7	15,0	32,6
8	12,6	37,4
9	16,0	28,3
10	11,7	28,5
11	13,5	35,2
12	15,0	28,3
13	22,3	38,4
14	17,0	35,4
15	16,2	40,4
16	14,2	43,3
17	14,0	33,3
18	14,0	29,7
19	18,2	45,2
20	25,3	41,2
21	20,5	45,3

22	21,0	38,4
23	12,0	32,5
24	10,6	35,7
25	12,0	33,8
26	16,0	34,9
27	14,1	34,9
28	10,8	33,4
29	18,0	40,1
30	18,0	35,0

13. Perkawinan antara sesama sapi *roan* dengan genotip Rr menghasilkan 100 ekor sapi merah (genotip RR), 200 sapi *roan* (genotip Rr), dan 100 ekor sapi putih (genotip rr). Ujilah dengan *Chi-square test* untuk mengetahui apakah populasi tersebut sesuai dengan Hukum Hardy-Weinberg!

G.Daftar Pustaka

- Graphodatskaya, D., H. Juerg, and G. Stranzinger. 2000. Polymorphisme in The MSHR Gene of Different Cattle Breeds. *Vet Med._Chech*, 45, 2008 (10-11):290-295
- Griffin, T. J. and L. M. Smith. 2000. Genetic identification by mass spectrometric analysis of single-nucleotide polymorphisms: ternary encoding of genotypes. *Anal. Chem.*. 72 (14): 3298 – 3302
- Hardjosubroto, W. 1994. Aplikasi Pemuliabiakan Ternak di Lapangan. PT Grasindo. Jakarta
- Harris, H. 1994. Dasar-dasar Genetika Biokemis Manusia. Edisi Ketiga. Diterjemahkan oleh Abdul Salam M Sofro, Ph.D. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta
- Hua, G.H. , S.L. Chen, J.N. Yu, K.L. Cai, C.J. Wua, Q.L. Li, C.Y. Zhang, A.X. Liang, L. Hana, L.Y. Geng, Z. Shen, D.Q. Xu and L.G. Yang. 2009. Polymorphism of the growth hormone gene and its association with growth traits in Boer goat bucks. *Meat Sci.* 81: 391 – 395
- Klungland H, K.H. Røed, C.L. Nesbø, K.S, Jakobsen, D.I. Våge . 1999. The melanocyte-stimulating hormone receptor (MC1-R) gene as a tool in evolutionary studies of artiodactyles. *Hereditas.* 1999;131(1):39-46.
- Legates, E. J. and E. J. Warwick. 1990. *Breeding and Improvement of Farm Animals.* McGraw Hill. Publishing Company. London.
- Machado, T.M.M, M. Chakir, and J.J. Lauvergne. 2000. Genetic distance and taxonomic trees between goats of Ceara State (Brazil) and goats of the Mediterranean region (Europe and Africa). *Genet. Mol. Biol.* 23 (1)
- Ningsih, S.F., Sulastri, dan M. D. I.Hamdani. 2018. Karakteristik kualitatif sapi Krui di Kabupaten Pesisir Baarat, Lampung (Qualitative characteristic of Krui cattle at Pesisir Barat, Lampung)

- Purwoko, A., Sutarno, dan N. Etikawati. 2003. Polimorfisme DNA pada lokus-2 gen hormon pertumbuhan sapi Madura. *Biodiversitas* 4 (1): 7 - 11
- Saiki, R. K., S. Scharf, F. Faloona , K. B. Mullis, H. A. Erlich, N. Arnheim. 1985. Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science* 230 (4732): 1350 - 1354
- Saladin, R. 1983. Penampilan Sifat-sifat Produksi dan Reproduksi Sapi Lokal Pesisir Selatan di Provinsi Sumatera Barat. Disertasi. Fakultas Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Bogor
- Smith, J. M. 1998. *Evolutionary Genetics* (2nd ed.). Oxford University Press. Oxford
- Sulastri. 2014. Karakteristik Genetik Bangsa-bangsa Kambing di Provinsi Lampung. Disertasi. Fakultas Peternakan. Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta
- Yuliani, L. 2016. Perbandingan Performa Produksi Kambing Saburai Betina di Dua Wilayah Sumber Bibit Kabupaten Tanggamus. Skripsi. Fakultas Pertanian. Universitas Lampung. Bandarlampung.

BAB II.

GENETIKA POPULASI

A. Pendahuluan

Materi Genetika Populasi membahas tentang: (1) pengertian Genetika Populasi, (2) manfaat Genetika Populasi, (3) konsep dasar frekuensi gen dan genotip, (4) Hukum Hardy-Weinberg, (5) perubahan frekuensi gen dan genotip, dan (6) analisis komposisi genetik.

Materi tersebut merupakan dasar dalam mempelajari Dasar Ilmu Pemuliaan Ternak terutama untuk sifat kualitatif. Materi-materi dalam Genetika Populasi bermanfaat dalam identifikasi karakteristik bangsa ternak melalui pengenalan gen-gen yang mengatur sifat kualitatif.

Sifat kualitatif merupakan sifat yang dapat dilihat dari luar dan dapat dinyatakan secara *descree* (terpisah secara tegas) misalnya warna bulu sapi dapat dinyatakan secara tegas dalam warna hitam, coklat, atau putih. Sifat tersebut merupakan karakteristik bangsa ternak, dikendalikan oleh beberapa pasang gen, tidak dapat dinyatakan dalam ukuran atau angka, dan sedikit dipengaruhi oleh faktor lingkungan.

Berdasarkan pemahaman tersebut, setelah mempelajari Genetika Populasi diharapkan mahasiswa dapat:

1. menjelaskan pengertian genetika populasi dan membandingkannya dengan pengertian genetika;

2. menjelaskan manfaat genetika populasi dalam pemuliaan ternak;
3. menghitung besarnya frekuensi gen dan genotip suatu sifat kualitatif dalam populasi;
4. menjelaskan bunyi Hukum Hardy-Weinberg dan syarat-syarat yang harus dipenuhi dalam populasi agar tercapai keseimbangan Hardy-Weinberg;
5. menjelaskan penyebab perubahan frekuensi gen dan menghitung frekuensi gen akibat adanya seleksi;
6. melakukan analisis komposisi genetik sifat kualitatif dalam populasi.

Beberapa pertanyaan dan permasalahan yang berkaitan dengan Genetika Populasi yang kemungkinan dijumpai setelah membaca bab ini tetapi tidak ditemukan jawabannya dalam buku ini. Hal ini dapat diatasi dengan menelusuri referensi lain baik yang disarankan sebagai rujukan dalam daftar pustaka atau buku dan jurnal ilmiah lain. Pemahaman yang lebih dalam tentang Genetika Populasi sangat membantu mahasiswa dalam memahami bagian berikutnya tentang parameter genetik yang terdiri dari heritabilitas, riritabilitas, dan korelasi genetik.

B. Pengertian Genetika Populasi

Ilmu genetika merupakan salah satu cabang ilmu yang mempelajari seluk beluk gen sebagai unit dasar biologi yang mengontrol pewarisan sifat. Prinsip-prinsip genetika dasar selalu digambarkan dengan materi genetik di dalam sebuah sel atau genotip dalam suatu individu. Setiap individu memiliki lokus-lokus yang di-tempati oleh sepasang gen, contohnya sepasang gen A dan a sehingga individu tersebut berkemungkinan memiliki genotip AA, Aa, atau aa. Kemungkinan frekuensi gen A dalam genotip AA sebesar 100%, dalam Aa sebesar 50%, dan dalam aa sebesar 0%.

Pemuliabian ternak selalu melibatkan sejumlah besar ternak dalam suatu populasi. Berbagai prosedur dalam pemuliaan ternak, misalnya seleksi dan per-silangan, bertujuan mencapai frekuensi gen

yang tinggi pada gen-gen yang me- ngendalikan sifat-sifat yang diinginkan pemulia. Kondisi tersebut mengakibatkan terjadinya ketidakseimbangan genetik karena populasi ternak selalu mendapat canpur tangan dari manusia sebagai pengelolanya.

Ilmu genetika dapat dipandang dari sudut individu maupun populasi. Populasi merupakan sekelompok makhluk hidup dalam satu spesies yang berpeluang untuk melakukan perkawinan antara individu jantan dan betina di suatu wilayah. Genetika populasi merupakan salah satu bagian dari ilmu genetika yang memandang pengontrolan sifat dalam suatu populasi.

C. Manfaat Genetika Populasi

Genetika populasi membahas dan menghitung besarnya peluang munculnya gen atau genotip tertentu dalam suatu populasi. Informasi besarnya peluang muncul-nya gen tertentu yang mengontrol suatu sifat bermanfaat untuk mengetahui potensi populasi secara genetik. Informasi tentang potensi genetik suatu sifat dalam populasi selanjutnya digunakan sebagai dasar penentuan sistem pemulia-biakan yang tepat. Sistem pemuliabiakan ternak tersebut terdiri dari seleksi dan persilangan.

Seleksi dan persilangan mengakibatkan terjadinya perubahan frekuensi gen yang mengatur suatu sifat sesuai dengan Hukum Hardy-Weinberg yang berakibat pada terjadinya ketidakseimbangan genetik suatu sifat dalam populasi. Ketidakseimbangan genetik ditandai dengan perubahan frekuensi gen sehingga proporsi menyimpang dari Hukum Hardy-Weinberg. Populasi yang tidak berada dalam keseimbangan genetik tersebut dapat mengalami keseimbangan genetik kembali apabila dilakukan perkawinan secara acak dalam populasi tersebut. Perkawinan acak merupakan perkawinan antara individu jantan dan betina dalam populasi yang masing-masing individu memiliki peluang untuk memilih sendiri pasangannya.

D. Konsep Dasar Frekuensi Gen dan Genotip

Informasi-informasi yang diperoleh dalam genetika populasi antara lain frekuensi genotip, jajaran genotip, dan frekuensi gen. Frekuensi genotip merupakan peluang munculnya genotip dalam populasi. Jajaran genotip (*genotype array*) merupakan perbandingan frekuensi genotip dalam populasi. Frekuensi gen adalah peluang munculnya gen dalam suatu populasi.

Frekuensi gen dan genotip dihitung berdasarkan banyaknya individu dalam populasi yang memiliki sifat tertentu yang frekuensinya akan dihitung. Penghitungan frekuensi gen tersebut dikelompokkan menjadi dua berdasarkan sifat gen dominan yang menyusun genotip yaitu gen dominan tidak penuh (*intermedier*) dan gen dominan penuh.

1. Frekuensi gen pada genotip dengan aksi gen dominan tidak penuh

Salah satu contoh penghitungan tersebut dilakukan dalam satu populasi sapi *Shorthorn*. Banyaknya individu dalam populasi dinyatakan sebagai N . Huruf N digunakan untuk melambangkan jumlah ternak dalam populasi dalam pembahasan Genetika Populasi dalam buku ini. Sifat warna bulu hitam pada populasi sapi dikontrol oleh genotip homosigot AA , warna abu-abu dikontrol oleh genotip heterosigot Aa , dan warna putih oleh genotip homosigot resesif aa . Jumlah sapi yang berwarna hitam (genotip AA) dilambangkan dengan N_{11} , warna abu-abu dengan N_{12} , dan warna putih dengan N_{22} , sehingga jumlah total sapi dalam populasi sama dengan N . Frekuensi genotip AA dilambangkan dengan $P(AA)$ atau P_{11} , genotip Aa dengan $P(Aa)$ atau P_{12} , genotip aa dengan $P(aa)$ atau P_{22} . Rumus frekuensi genotip AA , Aa , dan aa adalah sebagai berikut:

$$P(AA)=P_{11}=\frac{N_{11}}{N}$$

$$P(Aa)=P_{12}=\frac{N_{12}}{N}$$

$$P(aa)=P_{22}=\frac{N_{22}}{N}$$

Ketentuan: $P_{11}+P_{12}+P_{22}=1$

Jajaran genotip (*genotype array*) suatu sifat dalam populasi adalah sebagai berikut: $P_{11}(AA) : P_{12}(Aa) : P_{22}(aa)$.

Frekuensi gen dominan (dalam contoh ini adalah A) dinyatakan dengan P(A) dan dilambangkan dengan huruf p sedangkan frekuensi gen resesif (dalam contoh ini adalah a) dinyatakan dengan P(a) dan dilambangkan dengan q. Rumus frekuensi gen adalah sebagai berikut:

$$P(A)=p=\frac{(2N_{11})+N_{12}}{(2N)}=\frac{N_{11}+(\frac{1}{2}N_{12})}{N}=P(AA)+(\frac{1}{2})(P(Aa))$$

$$P(a)=q=\frac{N_{12}+(2N_{22})}{2N}=\frac{(\frac{1}{2}N_{12})+N_{22}}{N}=(\frac{1}{2})(P(Aa)+P(aa))$$

Ketentuan: $p + q = 1$

Frekuensi genotip dapat dihitung kembali dengan menggunakan frekuensi gen dominan (p) dan resesif (q) terutama pada populasi yang sudah mengalami seleksi dengan rumus sebagai berikut:

$$P(AA)=p^2 \qquad P(Aa)=2pq \qquad P(aa)=q^2$$

Jajaran genotip yang diperoleh berdasarkan perhitungan tersebut yaitu:

$$p^2 : 2pq : q^2$$

Penghitungan frekuensi gen dan genotip pada sifat yang diatur oleh gen dominan tidak penuh diberikan contoh pada populasi sapi *Shorthorn* sebanyak 1.500 ekor. Populasi tersebut terdiri dari 600 ekor berwarna merah yang dikontrol oleh genotip RR, 800 ekor berwarna *roan* yang

dikontrol oleh genotip Rr, dan 100 ekor berwarna putih yang dikontrol oleh genotip rr. Gen R bersifat dominan tidak penuh terhadap r. Penghitungan yang akan dilakukan terhadap populasi tersebut meliputi: (a) frekuensi gen R dan gen r; (b) frekuensi genotip RR, Rr, dan rr dengan menggunakan frekuensi gen R (p) dan gen r (q) hasil perhitungan pada soal a; (c) tuliskan jajaran genotipnya; (d) proporsi gamet R dan r.

Penyelesaian soal:

a. Frekuensi gen R dan r

$$\text{Frekuensi gen R} = P(R) = p = \frac{2(600) + 800}{(2)(1500)} = \frac{2000}{3000} = 0,67$$

$$\text{Frekuensi gen r} = P(r) = q = \frac{800 + 2(100)}{(2)(1500)} = 0,33$$

$$\Leftrightarrow p + q = 0,67 + 0,33 = 1,00$$

b. Frekuensi genotip berdasarkan frekuensi gen

$$P(RR) = p^2 = 0,67^2 = 0,45$$

$$P(Rr) = 2pq = 2(0,67)(0,33) = 0,44$$

$$P(rr) = q^2 = 0,33^2 = 0,11$$

c. Jajaran genotip

$$P(RR) : P(Rr) : P(rr) = 0,45 : 0,44 : 0,11$$

d. Proporsi gamet R dan r

$$\text{Gamet R} = P(RR) + \frac{1}{2} P(Rr) = 0,45 + \left(\frac{1}{2}\right)(0,44) = 0,67$$

$$\text{Gamet r} = \frac{1}{2} P(Rr) + P(rr) = \frac{1}{2}(0,44) + 0,11 = 0,33$$

2. Frekuensi gen pada genotip dominan penuh

Frekuensi gen pada genotip dominan penuh dihitung berdasarkan jumlah individu yang memiliki genotip homosigot resesif atau frekuensi genotip resesif. Frekuensi genotip resesif dilambangkan dengan q^2 dan frekuensi gen dengan q yang merupakan hasil pengakaran dari q^2 ($\sqrt{q^2}$).

Frekuensi gen dominan (p) dapat dihitung berdasarkan rumus $p + q = 1$ sehingga $p = 1 - q$. Frekuensi gen dominan (p) dan resesif (q) telah diketahui sehingga dapat digunakan untuk menghitung frekuensi genotip homosigot dominan. Heterosigot maupun genotip homosigot resesif dengan rumus sebagai berikut:

- frekuensi genotip homosigot dominan = p^2
- frekuensi genotip heterosigot = $2pq$
- frekuensi genotip homosigot resesif = q^2 .

Frekuensi gen dan genotip pada sifat yang dikontrol oleh gen dominan penuh dihitung dengan contoh pada populasi ayam. Sebanyak 9 dari 100 ekor ayam di-temukan berbulu keemasan. Bulu keemasan tersebut diatur oleh genotip homosigot resesif ss . Ayam lainnya berbulu keperakan dengan genotip homosigot dominan SS dan heterosigot Ss . Penghitungan akan dilakukan terhadap: (a) frekuensi gen resesif s dan dominan S ; (b) frekuensi genotip SS , Ss , dan ss ; (c) jajaran genotip pada ayam tersebut; (d) proporsi gamet S dan s .

Penyelesaian soal:

a. Frekuensi gen resesif s dan dominan S

Sebanyak 9 ekor dari 100 ekor ayam berwarna keemasan yang dikontrol oleh genotip ss . Hal tersebut berarti frekuensi genotip $ss = P(ss) = q^2 =$

$\frac{9}{100}$ sehingga frekuensi gen $s = q = \sqrt{q^2} = \sqrt{\frac{9}{100}} = 0,3$ dan frekuensi

gen $S = p = 1 - q = 1 - 0,3 = 0,7$

b. Frekuensi genotip SS, Ss, dan ss

$$\text{Frekuensi genotip SS} = P(SS) = (0,7)^2 = 0,49$$

$$\text{Frekuensi genotip Ss} = P(Ss) = (2) (0,3) (0,7) = 0,42$$

$$\text{Frekuensi genotip ss} = P(ss) = (0,3)^2 = 0,09$$

c. Jajaran genotip

$$P(SS) : P(Ss) : P(ss) = 0,49 : 0,42 : 0,09$$

d. Proporsi gamet S dan s

$$\text{Gamet S} = P(SS) + \frac{1}{2} P(Ss) = 0,49 + \frac{1}{2} (0,42) = 0,70$$

$$\text{Gamet s} = \frac{1}{2} P(Ss) + P(ss) = \left(\frac{1}{2}\right) (0,42) + 0,09 = 0,30$$

E. Hukum Hardy-Weinberg

Hukum Hardy-Weinberg menyatakan bahwa populasi ternak yang berada dalam keadaan *panmixia* dan tanpa adanya seleksi, migrasi, serta mutasi maka frekuensi gen akan tetap sama dari generasi ke generasi berikutnya. Populasi dengan frekuensi gen yang tetap dari satu generasi ke generasi berikutnya dinyatakan dalam keadaan keseimbangan genetik atau keseimbangan Hardy-Weinberg. Populasi yang besar dan *panmixia* diperlukan untuk menjelaskan Hukum Hardy-Weinberg.

Populasi dinyatakan dalam keadaan *panmixia* apabila memenuhi persyaratan sebagai berikut:

a. populasi dalam jumlah besar dan perkawinan terjadi secara acak.

Populasi dalam jumlah besar berarti populasi terdiri dari individu dalam jumlah banyak. Perkawinan secara acak merupakan perkawinan antara individu jantan dan betina serta masing-masing individu memiliki kesempatan untuk memilih sendiri pasangannya tanpa campur tangan manusia;

- b. populasi dalam keadaan *discreet* dan tidak tumpang tindih karena semua individu kawin pada saat yang sama dan individu-individu yang sudah tua digantikan oleh generasi anaknya;
- c. populasi tidak mengalami mutasi, migrasi, dan seleksi.

Mutasi merupakan peristiwa perubahan salah satu basa nitrogen yang mengakibatkan perubahan kinerja pada sifat tertentu. Migrasi merupakan pemasukan atau pengeluaran ternak ke dalam atau ke luar dari populasi. Seleksi merupakan tindakan memilih ternak bermutu genetik baik;

- d. pewarisan mengikuti Hukum Mendel dan materi genetik yang dibawa tetua jantan berpengaruh sama dengan yang berasal dari tetua betina sehingga se-andainya susunan genotip suatu sifat adalah Aa maka berpengaruh sama dengan genotip aA.

Ahli matematika G.H. Hardy dan ahli fisika dari Jerman (Weinberg) pada tempat yang terpisah mengemukakan dalil yang sama tentang frekuensi gen pada populasi *panmixia*. Dalil tersebut selanjutnya dikenal sebagai Hukum Hardy-Weinberg.

Penjelasan tentang Hukum Hardy-Weinberg yang berlaku pada populasi *panmixia* digunakan contoh gen A dan a yang terdapat pada individu-individu dalam populasi *panmixia*. Peluang gamet jantan mengandung gen A dan gamet betina mengandung gen A sama-sama besar sebesar p sehingga peluang munculnya genotip AA sebesar $(p)(p) = p^2$. Peluang gamet jantan maupun betina mengandung gen a masing-masing sebesar q sehingga peluang munculnya genotip aa sebesar $(q)(q) = q^2$. Peluang munculnya genotip Aa sebesar pq dan aA sebesar qp sehingga peluang munculnya genotip heterosigot sebesar $pq + qp = pq + pq = 2pq$. Perkawinan individu Aa jantan dan Aa betina akan menghasilkan keturunan dengan genotip AA, Aa, dan aa dengan proporsi sebagai berikut:

$$p^2(AA) : 2pq(Aa) : q^2(aa).$$

Keturunan tersebut memiliki gamet yang mengandung gen A yang berasal dari genotip AA sebesar p^2 dan dari Aa sebesar $(1/2)(2pq)$ sehingga frekuensi gen A = $p^2 + (1/2)(2pq) = p^2 + pq = p(p+q) = p$ (keterangan: $p + q = 1$). Keturunan juga berpeluang memiliki gen a dengan frekuensi yang dihitung berdasarkan genotip Aa sebesar $(1/2)(2pq)$ dan berasal dari aa sebesar q^2 sehingga frekuensi gen a = $q^2 + (1/2)(2pq) = q^2 + pq = q(p+q) = q$ (Keterangan: $p + q = 1$). Uraian tersebut membuktikan bahwa frekuensi gen dan genotip pada populasi *panmixia* selalu tetap dari generasi ke generasi.

Suatu populasi yang dalam keadaan keseimbangan genetik dapat mengalami perubahan apabila mendapat perlakuan seleksi dan mengalami mutasi atau migrasi sehingga populasi tidak berada dalam keseimbangan genetik. Keseimbangan genetik dapat dicapai kembali dengan cara perkawinan secara acak namun frekuensi gen dan genotip mengalami perubahan dan tidak sama dengan frekuensi sebelum kawin acak.

Keseimbangan genetik hanya dapat dicapai pada populasi yang berukuran besar, tidak mengalami seleksi, mutasi, dan migrasi. Hal tersebut dibuktikan dengan penelitian yang dilakukan penulis (Sulastri, 2014) pada populasi cempè Saburai. Pengamatan dilakukan dengan menggunakan *Single nucleotide polymorphism* (SNP) A781G dari gen hormon pertumbuhan 34 ekor cempè dan dengan analisis *Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism* (PCR-RFLP). Hasil penelitian menunjukkan bahwa 22 ekor memiliki genotip AB dan 12 ekor memiliki genotip AA sedangkan individu dengan genotip BB tidak ditemukan. Hasil analisis dengan menggunakan SNP A1575G menunjukkan bahwa semua individu memiliki genotip CD. Ukuran populasi yang kecil, adanya seleksi dan migrasi merupakan penyebab tidak ditemukannya genotip BB maupun CC dan DD karena populasi tidak berada dalam keseimbangan genetik.

Populasi yang berada dalam keseimbangan genetik akan menunjukkan proporsi genotip sesuai pewarisan Mendel (Hukum Mendel) sehingga pada populasi cempè Boerawa seharusnya ditemukan genotip AA, AB, BB, CC, CD, dan DD.

Berdasarkan uraian tersebut dapat diketahui bahwa suatu populasi dapat dinyatakan dalam keadaan keseimbangan genetik apabila frekuensi genotip dan fenotip sesuai dengan pewarisan Mendel. Frekuensi genotip yang diharapkan tersebut memiliki proporsi sebagai berikut: $p^2(AA) : 2pq(Aa) : q^2(aa)$ apabila diumpamakan dalam satu lokus terdapat gen A yang bersifat dominan tidak penuh dan gen a yang bersifat resesif. Frekuensi fenotip yang diharapkan adalah $AA : Aa : aa = 1 : 2 : 1$. Frekuensi genotip yang diharapkan terdapat dalam populasi apabila gen dominan dalam lokus beraksi secara penuh sama dengan pada sifat yang diatur oleh gen dominan tidak penuh namun frekuensi fenotipnya berbeda yaitu $(AA + Aa) : aa = 3 : 1$.

F. Perubahan Frekuensi Gen dan Genotip

Populasi yang dalam keadaan keseimbangan genetik akan mengalami perubahan frekuensi gen dan genotip pada generasi keturunannya apabila terjadi seleksi. Penjelasan kejadian ini dilakukan dengan memberikan contoh suatu populasi dalam keadaan keseimbangan genetik/memiliki jajaran genotip suatu sifat sebagai berikut: $p^2(AA) + 2pq(Aa) + q^2(aa)$. Jajaran genotip tersebut berubah akibat seleksi sehingga menjadi $s(AA) + t(Aa) + u(aa)$; besarnya $s + t + u = 1$. Populasi setelah seleksi memiliki gamet $A = s + (1/2)t$ dan gamet $a = (1/2)t + u$. Generasi setelah seleksi melakukan perkawinan acak kembali dan menghasilkan proporsi genotip sebagai berikut: $(s + \frac{1}{2}t)^2 AA + 2(s + \frac{1}{2}t)(\frac{1}{2}t + u) Aa + (\frac{1}{2}t + u)^2 aa$. Populasi tersebut menghasilkan gamet A

$$\begin{aligned}
 &= (s + \frac{1}{2}t)^2 + (s + \frac{1}{2}t)(\frac{1}{2}t + u) \\
 &= (s + \frac{1}{2}t)((s + \frac{1}{2}t) + (\frac{1}{2}t + u)) \\
 &= (s + \frac{1}{2}t)(s + t + u) \\
 &= (s + \frac{1}{2}t)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 \text{Gamet a} &= \left(\frac{1}{2}t + u\right)^2 + \left(s + \frac{1}{2}t\right)\left(\frac{1}{2}t + u\right) \\
 &= \left(\frac{1}{2}t + u\right)\left(\frac{1}{2}t + u + s + \frac{1}{2}t\right) \\
 &= \left(\frac{1}{2}t + u\right)(s + t + u) \\
 &= \left(\frac{1}{2}t + u\right)
 \end{aligned}$$

Uraian tersebut membuktikan bahwa seleksi dapat mengubah besarnya frekuensi gen dan genotip. Populasi sapi *Shorthorn* pada contoh perhitungan di atas setelah mengalami seleksi digunakan untuk contoh perhitungan frekuensi gen dan genotip. Jumlah sapi dalam populasi 1.500 ekor yang terdiri dari 600 ekor sapi merah (genotip RR), 800 ekor berwarna *roan* (genotip Rr), dan 100 ekor berwarna putih (genotip rr). Seleksi dilakukan untuk memilih sapi merah dan *roan* serta me-nyingkirkan sapi putih. Penghitungan yang akan dilakukan terhadap populasi tersebut meliputi: (a) frekuensi gen R dan gen r setelah seleksi; (b) frekuensi genotip RR, Rr, dan rr setelah seleksi dengan menggunakan frekuensi gen R (p) dan gen r (q) hasil perhitungan pada soal a; (c) tuliskan jajaran genotipnya; (d) gamet R dan r. Penyelesaian soal:

Sapi putih (genotip rr) disingkirkan sehingga tersisa 600 ekor sapi merah dan 800 ekor sapi roan, dengan total = 600 + 800 = 1.400 ekor.

a. Frekuensi gen R dan r

$$\text{Frekuensi gen R} = P(R) = p = \frac{2(600) + 800}{(2)(1400)} = \frac{2000}{2800} = 0,71$$

$$\text{Frekuensi gen r} = P(r) = q = \frac{800}{(2)(1400)} = \frac{800}{2800} = 0,29$$

$$\rightarrow p + q = 0,71 + 0,29 = 1,00$$

b. Frekuensi genotip berdasarkan frekuensi gen

$$- P(RR) = p^2 = 0,71^2 = 0,5041$$

$$- P(Rr) = 2pq = 2(0,71)(0,29) = 0,4118$$

$$- P(rr) = q^2 = 0,29^2 = 0,0841$$

c. Jajaran genotip

$$P(RR) : P(Rr) : P(rr) = 0,5041 : 0,4118 : 0,0841$$

d. Proporsi gamet R dan r

$$\text{- Gamet R} = P(RR) + \frac{1}{2} P(Rr) = 0,5041 + \frac{1}{2} (0,4118) = 0,71$$

$$\text{- Gamet r} = \frac{1}{2} P(Rr) + P(rr) = \left(\frac{1}{2}\right) (0,4118) + 0,0841 = 0,29$$

d. Jumlah individu sapi berbulu merah roan dan putih setelah seleksi

Jumlah total individu dalam populasi setelah seleksi = 1.400

- Jumlah sapi merah = $P(RR)$ (populasi) = $(0,5042) (1.400 \text{ ekor})$
 $= 705,74 \text{ ekor} = 706 \text{ ekor}$
- Jumlah sapi roan = $P(Rr)$ (populasi) = $(0,4118) (1.400 \text{ ekor})$
 $= 576,52 \text{ ekor} = 576 \text{ ekor}$
- Jumlah sapi putih = $P(rr)$ (populasi) = $(0,0841) (1.400 \text{ ekor})$
 $= 117,74 \text{ ekor} = 118 \text{ ekor}$

Frekuensi gen dan genotip pada populasi sapi *Shorthorn* sebelum dan setelah seleksi terdapat pada Tabel 1.2.

Tabel 1.2 Frekuensi gen dan genotip pada populasi sapi *Shorthorn* sebelum dan setelah seleksi

Kriteria	Sebelum seleksi	Setelah seleksi
Jumlah individu dalam populasi (ekor)	1.500	1.400
Jumlah sapi merah (ekor)	600	706
Jumlah sapi roan (ekor)	800	576
Jumlah sapi putih (ekor)	100	118
Frekuensi gen R (p)	0,67	0,33

Frekuensi gen r (q)	0,33	0,29
Frekuensi genotip RR (P(RR))	0,45	0,5041
Frekuensi genotip Rr (P(Rr))	0,44	0,4118
Frekuensi genotip rr (P(rr))	0,11	0,0841
Gamet R	0,67	0,71
Gamet r	0,33	0,29

Beberapa kesimpulan yang dapat diambil dari uraian tentang frekuensi gen dan genotip pada populasi yang berada dalam keadaan keseimbangan genetik sebagai berikut:

1. frekuensi gen heterosigot mencapai maksimum apabila frekuensi gen dominan sama dengan frekuensi gen resesif dan masing-masing sebesar 0,5 atau $p = q = 0,5$. Proporsi genotip heterosigot berada diantara genotip homosigot dominan dan resesif apabila salah satu frekuensi gen lebih dari dua kali frekuensi gen pasangannya. Hal tersebut berarti bahwa apabila $p = 2q$, maka $p^2 > 2pq > q^2$. Contoh: apabila frekuensi gen berada dalam ambang batas ($p = 2q$) maka jajaran genotipnya sebagai berikut:

- jajaran genotip yang umum: $p^2 (AA) : 2pq (Aa) : q^2 (aa)$
- jajaran genotip apabila $p = 2q$ maka $(2q)^2 (AA) : 2 (2q) q (Aa) : q^2 (aa)$

$$\implies 4q^2 (AA) : 4q^2 (Aa) : q^2 (aa)$$

$$\implies 4q^2 (AA + Aa + \frac{1}{4} aa)$$

sehingga agar $p^2 > 2pq > q^2$ maka $p > 2q$.

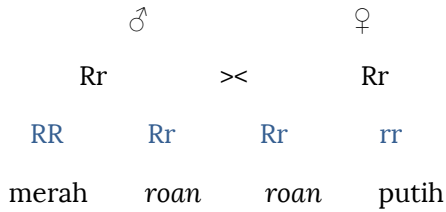
2. proporsi individu yang heterosigot adalah dua kali lipat rata-rata ukur (*gametic mean*) dari kedua proporsi yang heterosigot. Rerata ukur dari kedua proporsi yang homosigot adalah $\sqrt{(p^2 q^2)}$ sehingga

$2pq/\sqrt{(p^2q^2)} = 2$. Rumus tersebut dapat digunakan untuk menguji apakah suatu populasi berada dalam keadaan keseimbangan genetik atau tidak. Contoh: apabila dalam suatu populasi terdapat jajaran genetik 64(AA) : 32(Aa) : 4(aa) maka $2pq/\sqrt{(p^2q^2)} = (2)(64)(32)/\sqrt{(64^232^2)} = 2$ yang berarti bahwa populasi tersebut berada dalam keseimbangan genetik.

G. Analisis Komposisi Genetik

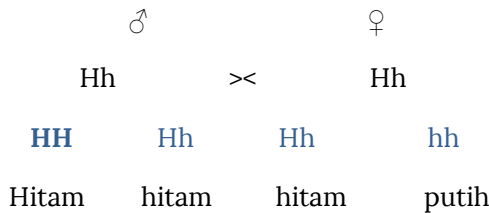
Komposisi genetik merupakan proporsi serangkaian gen yang membentuk genotip dan diekspresikan dalam penampilan luar berupa fenotip. Komposisi fenotip merupakan proporsi fenotip yang muncul dalam suatu populasi yang mengikuti Hukum Mendel. Proporsi fenotip tersebut muncul sebagai ekspresi dari proporsi genotip. Proporsi fenotip yang diharapkan dalam populasi adalah proporsi genotip dalam populasi yang berada dalam keseimbangan genetik (keseimbangan Hardy-Weinberg). Pengujian untuk mengetahui kondisi keseimbangan genetik suatu sifat dalam populasi dapat dilakukan dengan uji Chi-kuadrat (*Chi-square test*). Pengujian tersebut mampu menjawab pertanyaan apakah populasi menyimpang dari kondisi yang diharapkan secara nyata atau tidak.

Uji Chi-kuadrat digunakan untuk mengetahui apakah frekuensi harapan sama dengan frekuensi kenyataan. Proporsi frekuensi genotip yang diharapkan adalah frekuensi genotip dari perkawinan individu yang sesuai dengan Hukum Mendel. Pada gen yang ber-sifat dominan tidak penuh, proporsi frekuensi harapan mengacu pada perkawinan dua individu yang masing-masing memiliki genotip heterosigot. Misalnya perkawinan antara sapi *Shorthorn* merah (Rr) jantan dan sapi *Shorthorn* merah betina (Rr) sehingga frekuensi genotip harapan sama dengan RR : Rr : rr = 1 : 2 : 1 dan frekuensi fenotip harapan merah : roan : putih = 1 : 2 : 1. Bagan perkawinan antara Rr jantan dan Rr betina terdapat pada Gambar 1.2.



Gambar 1.2. Bagan perkawinan antar sapi *Shorthorn* merah heterosigot (Rr) dengan aksigen dominan tidak penuh

Pada gen yang bersifat dominan penuh, maka perkawinan antarindividu hetero-sigot akan menghasilkan frekuensi fenotip 3 : 1 dan frekuensi genotip 1 : 2 : 1. Contoh perkawinan tersebut terdapat pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2. Bagan perkawinan antar-sapi hitam heterosigot (Hh) dengan aksigen dominan penuh.

Perkawinan antarindividu dengan gen dominan penuh terdapat pada perkawinan antara sapi hitam (Hh) dengan sapi hitam (Hh), maka diperoleh frekuensi genotip harapan $HH : Hh : hh = 1 : 2 : 1$ dengan proporsi fenotip hitam (HH dan Hh) : putih (hh) = 3 : 1.

Uji Chi-kuadrat (*Chi-square test*) merupakan metode sederhana untuk meng-analisis apakah frekuensi genotip dan fenotip di lapangan sesuai dengan frekuensi yang diharapkan atau menyimpang dari harapan. Hipotesis yang diajukan adalah:

Ho: $o = e$ atau nilai kenyataan = nilai harapan

Ha: $o \neq e$ atau nilai kenyataan \neq nilai harapan.

Uji tersebut dilambangkan dengan huruf Yunani yang dinamakan huruf Chi yang lambangnya mirip dengan huruf X sehingga uji Chi-kuadrat sering dinamakan tes X^2 . Rumus X^2 hitung adalah:

$$X^2 \text{ hitung} = \sum \frac{(o - e)^2}{e}$$

Keterangan:

o = *observation value* = nilai hasil pengamatan = frekuensi kenyataan

e = *expectation value* = nilai yang diharapkan = frekuensi harapan

Nilai X^2 yang diperoleh dari rumus di atas merupakan X^2 hitung yang harus dibandingkan dengan X^2 tabel untuk mengetahui hasil analisis terhadap kondisi populasi. $\rightarrow X^2 \text{ tabel} = X^2_{(db=n-1, \alpha)}$

dimana: n = jumlah kelas (kelompok pengamatan) dan α = tingkat kepercayaan. Nilai X^2 tabel terdapat pada Tabel 2.2 di bawah ini.

Apabila X^2 hitung lebih kecil daripada X^2 tabel—berarti frekuensi kenyataan sama dengan harapan—maka populasi berada dalam keseimbangan genetik seperti yang diharapkan. Sebaliknya, apabila X^2 hitung lebih besar daripada X^2 tabel—berarti frekuensi kenyataan tidak sama dengan harapan—maka populasi tidak berada dalam keseimbangan genetik.

Tabel 2.2 Nilai X^2 tabel pada derajat bebas (db) dan tingkat kepercayaan (α) tertentu

db	Tingkat kepercayaan(α)								
	0,95	0,90	0,70	0,50	0,30	0,10	0,05	0,01	0,001
1	,004	0,02	0,15	0,46	1,07	2,71	3,84	6,64	10,83
2	0,10	0,21	0,71	1,39	2,41	4,61	5,99	9,21	13,82
3	0,35	0,58	1,42	2,37	3,67	6,25	7,82	11,35	16,27
4	0,71	1,06	2,20	3,36	4,88	7,78	9,49	13,28	18,47
5	1,15	1,61	3,00	4,35	6,06	9,24	11,07	15,09	20,52
6	1,64	2,20	3,83	5,35	7,23	10,65	12,59	16,81	22,46

7	2,17	2,83	4,67	6,35	8,38	12,02	14,07	18,48	24,32
8	2,73	3,49	5,53	7,14	9,52	13,36	15,51	20,09	26,13
9	3,33	4,17	6,39	8,34	10,66	14,68	16,92	21,67	27,88
10	3,94	4,87	7,27	9,34	11,78	15,99	18,31	23,21	29,59

Besarnya derajat bebas adalah banyaknya kelompok (kelas) dikurangi satu. Khusus untuk kondisi yang memiliki satu kelas (kelompok) maka X^2 hitung

dihitung dengan menggunakan rumus Yates sebagai berikut:

$$X^2 \text{ hitung} = \sum \frac{\left\{ (o - e) - \frac{1}{2} \right\}^2}{e}$$

Nilai $\left\{ (o - e) - \frac{1}{2} \right\}^2$ bersifat mutlak yang berarti bahwa apabila dihasilkan nilai negatif, maka dianggap bernilai positif sesuai rekomendasi Yates.

Populasi sapi *Shorthorn* sebelum mengalami seleksi seperti pada contoh soal sebelumnya digunakan sebagai contoh untuk menguji apakah frekuensi atau proporsi genotip hasil observasi di lapangan sesuai dengan komposisi genotip yang diharapkan. Frekuensi fenotip dan genotip dalam populasi tersebut yang sesuai dengan Hukum Mendel adalah perkawinan antara individu jantan dan betina sapi *Shorthorn* yang memiliki genotip heterosigot (Rr). Proporsi genotip dan fenotip yang diharapkan yaitu $RR : Rr : rr = \text{merah} : \text{roan} : \text{putih} = 1 : 2 : 1$. Populasi sapi tersebut terdiri dari 600 ekor berwarna merah (genotip RR), 800 ekor berwarna *roan* (genotip Rr), dan 100 ekor berwarna putih (genotip rr). Pengujian dengan uji Chi-kuadrat dilakukan untuk mengetahui apakah populasi memiliki frekuensi fenotip dan genotip yang sesuai dengan harapan.

Penyelesaian soal:

Proporsi genotip dan fenotip dalam populasi sapi *Shorthorn* yaitu:

RR : Rr : rr = merah : roan : putih = 1 : 2 : 1 sehingga frekuensi genotip dan fenotip harapan (e) sebesar:

- RR (merah) = $\frac{1}{4}(1500) = 375$ ekor
- Rr(roan) = $\frac{2}{4}(1500) = 750$ ekor
- rr (putih) = $\frac{1}{4}(1500) = 375$ ekor

Frekuensi kenyataan:

- RR (merah) = 600 ekor
- Rr (roan) = 800 ekor
- rr (putih) = 100 ekor

Uji Chi-kuadrat

Hasil uji Chi-kuadrat terdapat pada Tabel 3.2.

Berdasarkan hasil analisis diketahui bahwa X^2 hitung lebih besar daripada X^2 tabel sehingga disimpulkan bahwa frekuensi genotip dan fenotip kenyataan tidak sama dengan frekuensi genotip dan fenotip harapan.

Tabel 3.2 Uji Chi-kuadrat pada populasi sapi Shorthorn.

Peubah	Genotip/fenotip			Jumlah individu (ekor)
	RR (merah)	Rr (roan)	rr (putih)	
Frekuensi kenyataan	600	800	100	1.500
Frekuensi harapan	375	750	375	1.500
$X^2_{hitung} = \frac{(o - e)^2}{e}$	84.375	3.125	756.25	84.375
$X^2_{(db=2; \alpha=0,05)}$	13,82			

H.Ringkasan

Aksi gen dalam individu dipelajari dalam Genetika sedangkan aksi gen dalam sekumpulan individu dalam suatu wilayah sebagai populasi dipelajari dalam Genetika Populasi. Ekspresi gen-gen terlihat pada sifat luar atau sifat kualitatif maupun kuantitatif. Sifat-sifat kualitatif merupakan bahasan utama dalam genetika populasi karena terdapat aksi gen dominan, penuh dan tidak penuh serta gen resesif sehingga lebih mudah dalam penghitungan frekuensi gen dan genotip. Sifat kuantitatif tidak dibahas dalam Genetika Populasi pada buku ini karena gen-gen penyusunnya sangat banyak dan bersifat kodominan sehingga memerlukan prosedur yang lebih rumit antara lain melalui uji polimorfisme.

Suatu sifat dapat terlihat pada sejumlah besar ternak namun ada pula yang hanya terlihat pada sebagian kecil ternak. Kondisi tersebut mendasari adanya penghitungan frekuensi gen dan genotip dalam populasi. Peluang munculnya gen dalam populasi dinyatakan sebagai frekuensi gen. Peluang munculnya genotip dalam populasi dinyatakan sebagai frekuensi genotip. Frekuensi gen dan genotip dihitung berdasarkan proporsi banyaknya individu yang menampilkan sifat ter-

tentu dalam populasi terhadap jumlah total individu dalam populasi. Frekuensi gen dominan dinyatakan sebagai p dan gen resesif sebagai q . Frekuensi genotip homosigot dominan dinyatakan sebagai p^2 , heterosigot sebagai $2pq$, dan homosigot resesif sebagai q^2 .

Frekuensi gen dan genotip dalam populasi ternak selalu mengalami perubahan akibat adanya seleksi, mutasi, dan migrasi. Perubahan frekuensi gen tersebut menyebabkan nilai parameter genetika juga selalu mengalami perubahan. Parameter genetika tersebut dibahas pada bagian selanjutnya dalam buku ini.

Frekuensi gen dan genotip suatu sifat dalam suatu populasi *panmixia* selalu konstan dari generasi ke generasi namun populasi tersebut sangat sulit ditemukan sehingga seringkali dinamakan sebagai populasi khayalan (imajiner). Suatu populasi dinyatakan dalam keadaan *panmixia* apabila memenuhi syarat sebagai berikut: (1) populasi terdiri dari individu dalam jumlah sangat banyak; (2) perkawinan antarindividu berlangsung secara acak; (3) populasi tidak mengalami seleksi, mutasi, dan migrasi; (4) mekanisme pewarisan sifat mengikuti Hukum Mendel.

Suatu populasi ternak dengan proporsi genotip dan fenotip sesuai dengan Hukum Mendel dinyatakan sebagai populasi dalam keadaan keseimbangan genetika. Pengujian untuk mengetahui apakah kondisi populasi dalam keadaan keseimbangan genetika yaitu uji Chi-kuadrat dengan hipotesis nol (H_0): frekuensi harapan sama dengan frekuensi kenyataan dan hipotesis alternatif (H_A): frekuensi harapan tidak sama dengan kenyataan.

I.Latihan

Jawablah pertanyaan-pertanyaan di bawah ini:

1. tuliskan perbedaan genetika dan genetika populasi;
2. apa manfaat genetika populasi dalam pemuliaan ternak?
3. bagaimana bunyi hukum Hardy-Weinberg?
4. apa yang dimaksud dengan frekuensi gen dan frekuensi genotip?

5. apa yang dimaksud dengan populasi yang berada dalam keadaan keseimbangan genetik?
6. apa saja yang dapat mengubah frekuensi gen dalam suatu populasi?
7. apa yang seharusnya dilakukan agar populasi yang tidak dalam keadaan keseimbangan genetik dapat berubah menjadi seimbang kembali?
8. Jelaskan perbedaan cara mengetahui besarnya frekuensi gen pada sifat yang diatur oleh gen dominan yang beraksi secara tidak penuh dengan yang diatur oleh gen dominan yang beraksi secara penuh;
9. berdasarkan hasil penelitian penulis pada populasi kambing Boerawa ditemu-kan genotip AA dan AB saja tetapi tidak ada genotip BB dan hanya ditemukan genotip CD saja pada gen hormon pertumbuhan tetapi tidak ditemukan genotip CC dan CD. Jelaskan.
10. apa yang dimaksud dengan populasi *panmixia*?
11. mungkinkah populasi *panmixia* dapat ditemukan pada peternakan di Indonesia?
12. tuliskan proporsi genotip yang menjadi harapan dalam menguji keseimbangan genetik apabila dalam lokus terdapat gen dominan tidak penuh dan apabila terdapat gen dominan penuh. Diketahui gen dominan dilambangkan dengan huruf A dan resesif dengan huruf a.
13. apa manfaat uji Chi-kuadrat dalam genetika populasi?
14. tuliskan rumus X^2 hitung dan X^2 tabel serta keterangan huruf-huruf atau lambang yang terdapat dalam rumus tersebut;
15. tuliskan hipotesis nol (H_0) dan hipotesis alternatif (H_a) yang diajukan dalam uji Chi-kuadrat?
16. Perkawinan antar ayam berbulu setengah walik (genotip Ff) menghasilkan 30 ekor ayam walik (genotip FF), 50 ekor ayam setengah walik (genotip Ff), dan 40 ekor ayam normal (genotip ff). Gen F beraksi dominan tidak penuh terhadap f.

- a. Lakukan uji *Chi-square* untuk mengetahui apakah populasi ayam tersebut berada dalam keseimbangan genetik atau tidak!
 - b. Penyingkiran dilakukan terhadap ayam berbulu walik (genotip FF). Hitunglah frekuensi gen F dan f , genotip FF, Ff, dan ff setelah penyingkiran.
17. Perkawinan antarsapi tidak bertanduk (genotip Pp) menghasilkan 20 ekor sapi tidak bertanduk (genotip PP), 40 ekor sapi tidak bertanduk (genotip Pp) dan 60 ekor sapi bertanduk (genotip pp). Gen P beraksi dominan secara penuh terhadap p.
- a. Lakukan uji *Chi-square* untuk mengetahui apakah populasi sapi tersebut berada dalam keseimbangan genetik atau tidak!
 - b. Penyingkiran dilakukan terhadap sapi bertanduk (genotip pp). Hitunglah frekuensi gen P dan p , genotip PP, Pp, dan pp setelah penyingkiran.
18. Empat ekor dari 16 ayam yang menetas memiliki jari berjumlah banyak yang diatur oleh gen resesif d (genotip dd). Ayam lainnya memiliki fenotip berjari kaki normal (genotip DD dan Dd). Gen D beraksi dominan penuh terhadap gen d.
- a. Hitunglah frekuensi gen resesif d dan gen dominan D dalam populasi tersebut
 - b. Hitunglah frekuensi genotip DD, Dd, dan dd dalam populasi tersebut.
 - c. Seleksi dilakukan dengan memilih ayam berjari normal (DD dan Dd), hitunglah frekuensi gen D dan d, genotip DD, Dd, dan dd setelah seleksi!

J. Daftar Pustaka

- Dalton, D.C. 1980. An Introduction to Practical Animal Breeding. Granada. London
- Falconer, R. D. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Malaysia
- Hardjosubroto, W. 1998. Genetika Hewan. Fakultas Peternakan. Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta
- Lasley, J. F. 1978. Genetics of Livestock Improvement. Third Edition. Prentice Hall. Inc. Englewood Cliffs. New Jersey
- Legates, E. J. and E. J. Warwick. 1990. Breeding and Improvement of Farm Animals. McGraw Hill. Publishing Company. London
- Nazir, M. 1985. Metode Penelitian. Ghalia Indonesia
- Sulastri. 2014. Karakteristik Genetik Bangsa-bangsa Kambing di Provinsi Lampung. Disertasi. Program Pascasarjana. Fakultas Peternakan. Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta
- Warwick, E. J., J. M. Astuti, dan W. Hardjosubroto. 1990. Pemuliaan Ternak. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta

BAB III.

HERITABILITAS

A. Pendahuluan

Materi Heritabilitas terdiri dari: (1) pengertian, (2) manfaat, (3) kisaran nilai, dan (4) metode estimasi heritabilitas. Materi tersebut berperan penting dalam sistem pemuliaan ternak karena digunakan sebagai dasar penentuan metode pemuliabiakan ternak apakah akan dilakukan seleksi atau persilangan. Selain itu, materi ini juga digunakan untuk menghitung estimasi nilai pemuliaan pejantan, induk, atau individu jantan dan betina. Nilai pemuliaan tersebut menunjukkan estimasi besarnya kinerja suatu sifat yang dapat diwariskan kepada keturunannya yaitu separuh dari besarnya nilai pemuliaan berasal dari tetua jantan dan separuh dari betina (induk).

Mahasiswa yang telah membaca materi ini diharapkan mampu:

1. memahami dan menjelaskan pengertian heritabilitas;
2. memahami dan menjelaskan manfaat heritabilitas dalam pemuliaan ternak;
3. menjelaskan kisaran nilai heritabilitas sehingga dapat menentukan heritabilitas termasuk kelas apa yang selanjutnya dapat menjadi dasar penentuan metode pemuliabiakan ternak;
4. memilih metode estimasi heritabilitas yang tepat berdasarkan data rekording yang ada di lapangan.

Beberapa permasalahan dan pertanyaan yang timbul dalam pikiran pembaca ber-kaitan dengan heritabilitas namun tidak memperoleh jawaban dari buku ajar ini, maka disarankan merujuk pada sumber-sumber referensi lain seperti yang ditulis dalam daftar pustaka atau menelusuri informasi dari media internet, baik dalam bentuk jurnal ilmiah maupun buku-buku lain yang menguraikan tentang heritabilitas.

B. Pengertian Heritabilitas

Salah satu parameter genetik yang penting dalam pemuliaan ternak adalah heritabilitas selain rinitabilitas dan korelasi genetik. Nilai heritabilitas bukan merupakan nilai mutlak namun merupakan hasil pendugaan potensi genetik suatu sifat dalam populasi yang diestimasi atau diduga berdasarkan sifat luar yang dapat diukur (sifat kuantitatif). Hubungan yang erat antara genetik dan fenotipik dalam kaitannya dengan pendugaan nilai heritabilitas menghasilkan rumus-rumus hubungan antara genetik dan fenotipik, antara lain: heritabilitas dalam arti luas dan sempit, regresi genetik aditif terhadap fenotipik, dan korelasi genetik aditif terhadap fenotipik.

Heritabilitas—disebut juga sebagai angka pewarisan—merupakan istilah yang digunakan untuk menunjukkan bagian dari keragaman total suatu sifat yang di-sebabkan oleh pengaruh genetik. Heritabilitas dapat didefinisikan sebagai proporsi keragaman genetik terhadap keragaman fenotip. Heritabilitas dapat diperhitungkan dalam dua konteks yaitu secara luas dan sempit.

Heritabilitas dalam arti luas merupakan proporsi keragaman fenotip yang disebabkan oleh perbedaan genetik. Heritabilitas tersebut tidak digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan karena tidak tanggap terhadap seleksi. Gen-gen aditif tanggap terhadap seleksi dan diwariskan secara utuh pada keturunannya karena tidak mengalami pemisahan (segregasi) pada saat meiosis. Gen-gen tersebut mengatur sifat-sifat kuantitatif seperti halnya bobot badan, penambahan bobot

badan harian, produksi susu, produksi telur. Gen dominan dan epistasis tidak tanggap terhadap seleksi karena pada saat meiosis gen-gen tersebut akan memisah secara bebas dan berpasangan kembali secara acak pada saat fertilisasi.

Komponen keragaman genetik meliputi keragaman genetik aditif, dominan, dan epistasis. Keragaman fenotipik merupakan hasil penjumlahan keragaman genetik aditif, dominan, epistasis, dan lingkungan. Heritabilitas dalam arti luas dinyatakan dengan huruf "H" dan dalam rumus sebagai berikut:

$$H = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2}$$

Keterangan:

- H = heritabilitas dalam arti luas
- σ_G^2 = keragaman genetik total
- σ_P^2 = keragaman fenotipik
- σ_A^2 = keragaman genetik aditif
- σ_D^2 = keragaman genetik dominan
- σ_I^2 = keragaman genetik epistasis
- σ_E^2 = keragaman lingkungan

Heritabilitas dalam arti sempit merupakan proporsi dari keragaman fenotipik yang disebabkan oleh keragaman genetik aditif. Keragaman genetik aditif merupakan keragaman atau variasi yang terjadi pada gen-gen aditif yaitu gen-gen yang me-ngontrol sifat kuantitatif. Sifat kuantitatif merupakan sifat-sifat yang ekonomis pada ternak; misalnya bobot badan, penambahan bobot badan, ukuran-ukuran tubuh, dan produksi susu. Heritabilitas dalam arti sempit

dengan lambang “h²” lebih banyak dimanfaatkan dalam pemuliaan ternak karena gen-gen aditif diwariskan secara utuh pada keturunannya. Hal ini dikarenakan tidak mengalami pemisahan pada saat meiosis dan tanggap terhadap seleksi. Heritabilitas tersebut dinyatakan dalam rumus sebagai berikut:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2}$$

Heritabilitas juga merupakan regresi genetik aditif (nilai pemuliaan=*breeding value*) terhadap fenotip yang dinyatakan dalam rumus sebagai berikut:

$$h^2 = b_{AP}$$

Keterangan:

h^2 = heritabilitas

b_{AP} = regresi genetik aditif terhadap fenotipik.

Hubungan yang erat antara genetik aditif, fenotipik, dan heritabilitas dapat dinyatakan dalam rumus korelasi antara genetik aditif dan fenotipik sebagai berikut:

$$r_{AP} = b_{AP} \frac{\sigma_P}{\sigma_A} = h^2 \left(\frac{1}{h} \right) = h$$

Keterangan:

r_{AP} = korelasi antara genetik aditif dan fenotipik

b_{AP} = regresi genetik aditif terhadap fenotipik

σ_P = simpangan baku fenotipik ($\sqrt{\sigma_P^2}$)

σ_A = simpangan baku genetik aditif ($\sqrt{\sigma_A^2}$)

Korelasi antara genetik aditif dan fenotipik yang besarnya sama dengan h ($\sqrt{h^2}$) merupakan nilai kecermatan seleksi individu. Berdasarkan rumus regresi genetik aditif terhadap fenotipik, maka dapat dinyatakan

rumus nilai genetik atau nilai pemuliaan yang diharapkan (*breeding value expected*) sebagai berikut:

$$A_{(\text{expected})} = h^2P$$

Keterangan:

$A_{(\text{expected})}$ = nilai pemuliaan yang diharapkan

h^2 = heritabilitas

P = fenotipik

C. Manfaat Heritabilitas

Nilai heritabilitas bermanfaat dalam banyak hal yang berkaitan dengan pemuliaan ternak. Manfaat-manfaat heritabilitas sebagai berikut:

1. untuk menduga besarnya respon seleksi dan respon seleksi berkorelasi (dibahas dalam mata kuliah Ilmu Pemuliaan Ternak);
2. untuk mengetahui besarnya kecermatan seleksi, salah satunya kecermatan seleksi individu yang besarnya sama dengan h atau akar dari heritabilitas sifat yang diseleksi ($\sqrt{h^2}$, dibahas dalam mata kuliah Ilmu Pemuliaan Ternak);
3. untuk menduga nilai pemuliaan pejantan, induk, dan anak yang merupakan calon ternak pengganti (akan dibahas dalam mata kuliah Ilmu Pemuliaan Ternak);
4. untuk mengetahui apakah peningkatan kinerja generasi keturunannya dapat dilakukan seleksi atau persilangan. Seleksi dapat ditempuh untuk meningkatkan kinerja generasi keturunannya apabila heritabilitas sifat termasuk kelas sedang sampai tinggi. Sebaliknya, apabila heritabilitas tersebut rendah maka persilangan merupakan metode pemuliabiakan yang tepat.

D. Kisaran Nilai Heritabilitas

Nilai heritabilitas berkisar antara 0,0 sampai dengan 1,0 dan dapat dikelompokkan kedalam tiga kelas yaitu 0,0–0,1 termasuk dalam klasifikasi rendah; 0,1–0,3 termasuk dalam klasifikasi sedang; 0,3–1,0 termasuk dalam klasifikasi tinggi. Populasi ternak yang memiliki heritabilitas tinggi dalam suatu sifat menunjukkan bahwa keragaman fenotipik sifat tersebut lebih banyak dipengaruhi oleh keragaman genetik aditif dan sebagian kecil dipengaruhi oleh keragaman genetik nonaditif (dominan dan epistasis) dan keragaman lingkungan. Sifat-sifat produksi misalnya produksi telur, produksi susu, bobot badan, penambahan bobot badan harian, dan persentase karkas. Heritabilitas sifat-sifat produksi tersebut dapat juga mencapai nilai rendah apabila keragaman fenotipik lebih dipengaruhi oleh keragaman genetik nonaditif. Hal tersebut dapat terjadi pada populasi yang anggotanya merupakan ternak hasil persilangan (F1), keragaman fenotipik ternak hasil silangan lebih banyak dipengaruhi oleh genetik nonaditif dan keragaman lingkungan dibandingkan dengan keragaman genetik.

Peningkatan kinerja sifat produksi ternak pada populasi yang nilai heritabilitasnya sedang sampai tinggi dapat dilakukan melalui seleksi karena respon seleksi sangat ditentukan oleh besarnya nilai heritabilitas sifat yang diseleksi. Respon seleksi merupakan rata-rata peningkatan kinerja generasi keturunannya sebagai hasil dari seleksi terhadap tetuanya. Respon seleksi akan dibahas lebih lanjut pada mata kuliah Ilmu Pemuliaan Ternak. Peningkatan kinerja suatu sifat tidak dapat ditempuh melalui seleksi apabila populasi ternak memiliki nilai heritabilitas yang rendah. Peningkatan kinerja suatu sifat sangat rendah apabila seleksi dilakukan pada sifat dengan heritabilitas yang rendah.

Heritabilitas tersebut dapat ditingkatkan dengan menurunkan keragaman genetik nonaditif dan lingkungan. Keragaman genetik nonaditif dapat diturunkan melalui perkawinan sesama ternak F1 untuk menurunkan frekuensi gen dominan dan epistasis. Selain itu, lingkungan yang seragam akan meningkatkan heritabilitas suatu sifat. Lingkungan yang seragam dapat dilakukan dengan memberikan pakan

dan manajemen pemeliharaan yang sama. Heritabilitas yang rendah pada sifat produksi dapat ditingkatkan melalui penyeragaman kondisi lingkungan dan penurunan keragaman genetik nonaditif.

Sifat-sifat reproduksi (*service per conception*, jarak beranak, *post partum mating*, *days open*) memiliki heritabilitas yang rendah karena kinerjanya lebih dipengaruhi oleh gen-gen nonaditif dan lingkungan. Peningkatan kinerja sifat-sifat reproduksi tidak efektif untuk ditingkatkan melalui seleksi dan tidak dapat mencapai nilai heritabilitas tinggi.

Nilai heritabilitas sifat-sifat lahir (misalnya bobot lahir dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir) termasuk kelas rendah karena keragaman genetik nonaditif dan ke-ragaman lingkungannya lebih tinggi yang berasal dari pengaruh maternal sehingga menutup pengaruh keragaman genetik aditif. Rendahnya heritabilitas pada sifat-sifat lahir merupakan kondisi yang menguntungkan karena seleksi pada bobot lahir berakibat meningkatkan bobot lahir generasi keturunannya. Peningkatan bobot lahir berakibat pada kesulitan melahirkan (*dystocia*) sehingga seleksi sangat tidak dianjurkan untuk dilakukan pada bobot lahir dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir.

Bobot badan pascasapih (bobot badan saat kawin pertama dan bobot setahun) dapat mencapai nilai heritabilitas yang lebih tinggi daripada bobot lahir dan bobot sapih apabila mendapat lingkungan yang seragam. Hal tersebut dikarenakan keragaman genetik aditif yang berpengaruh terhadap bobot badan pascasapih tidak tertutupi oleh keragaman genetik nonaditif dan keragaman lingkungan. Keragaman genetik nonaditif semakin menurun pada sifat pascasapih karena gen-gen nonaditif tidak berpengaruh terhadap sifat tersebut sedangkan keragaman lingkungan yang diperoleh individu-individu dalam populasi hanya berasal dari manajemen pemeliharaan dan iklim tetapi sudah tidak dipengaruhi oleh faktor maternal dan lingkungan internal dalam tubuh induk selama induk bunting. Hasil penelitian penulis (Sulastri, 2014) menunjukkan bahwa estimasi heritabilitas bobot lahir dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir meningkat pada sifat-sifat sapih dan ter-tinggi pada sifat umur setahun (Tabel 1.3).

Tabel 1.3 Estimasi heritabilitas bobot lahir, sapih, dan setahun pada kambing Peranakan Etawah di Kelompok Tani Margarini

Sifat	Tahapan umur		
	Lahir	Sapih	Setahun
a. Bobot badan	0,15±0,05	0,23±0,09	0,24±0,09
b. Tinggi badan	0,18±0,08	0,22±0,09	0,24±0,07
c. Panjang badan	0,17±0,07	0,21±0,06	0,23±0,09
d. Lingkar dada	0,15±0,06	0,21±0,05	0,22±0,06
e. Tinggi pinggul	0,16±0,05	0,23±0,09	0,24±0,08
f. Panjang telinga	0,10±0,03	0,12±0,07	0,12±0,06
g. Lebar telinga	0,11±0,04	0,10±0,04	0,11±0,02

Sumber: Sulastri (2014)

Sifat produksi yang seharusnya memiliki nilai heritabilitas tinggi dapat mencapai nilai rendah apabila populasi sudah mengalami seleksi secara intensif untuk me-ningkatkan sifat tersebut dan tidak pernah ada pemasukan ternak baru kedalam populasi. Seleksi yang intensif dan tidak pernah ada pemasukan ternak baru ke-dalam suatu populasi mengakibatkan semakin seragamnya gen-gen aditif sehingga keragaman genetiknya semakin rendah. Keragaman genetik yang rendah yang me-nyebabkan rendahnya heritabilitas dan seleksi tidak akan menghasilkan pe-ningkatan kinerja pada generasi keturunannya karena respon seleksi dipengaruhi oleh nilai heritabilitas.

Estimasi heritabilitas diperlukan untuk menentukan sistem pemuliaan yang tepat sehingga estimasi harus dilakukan pada sifat-sifat yang ekonomis yaitu sifat yang memiliki nilai jual tinggi. Sifat-sifat ekonomis tersebut antara lain bobot badan sapi, kambing dan domba pedaging, produksi susu sapi dan kambing perah, produksi telur unggas. Populasi ternak tersebut selalu mengalami perubahan akibat pemasukan atau pengeluaran ternak sehingga selalu terjadi perubahan

frekuensi gen. Perubahan frekuensi gen mengakibatkan perubahan nilai heritabilitas. Berdasarkan uraian tersebut diketahui bahwa heritabilitas bukan suatu konstanta tetapi selalu mengalami perubahan akibat adanya perubahan jumlah individu.

E. Metode Estimasi Heritabilitas

Heritabilitas suatu sifat dapat diestimasi pada populasi yang memiliki rekording lengkap. Rekording yang lengkap tersebut memuat catatan silsilah dan hubungan kekerabatan; tanggal lahir, penyapihan, penimbangan, dan kawin; catatan produksi individu setiap generasi (misalnya bobot badan, produksi susu, kadar lemak, dan produksi telur). Catatan produksi individu-individu yang memiliki hubungan kekerabatan sangat diperlukan pada estimasi heritabilitas karena angka pewarisan dapat diestimasi berdasarkan kesamaan genetik pada individu-individu yang berkerabat. Nilai heritabilitas dapat diestimasi dengan metode korelasi saudara tiri sebakak, metode korelasi saudara kandung dan saudara tiri, metode regresi anak terhadap tetua.

Metode estimasi dipilih berdasarkan informasi yang terdapat pada rekording. Metode korelasi saudara tiri sebakak dipilih apabila terdapat catatan produksi individu dan masing-masing individu diketahui siapa pejantan dan induknya sehingga dapat dipilih individu yang memiliki hubungan saudara tiri sebakak saja. Tabulasi data sebelum diestimasi hanya memerlukan informasi pejantan yang memiliki sekelompok anak bersaudara tiri tetapi tidak memerlukan informasi siapa induknya dan catatan produksi tetua jantannya. Nilai estimasi yang diperoleh akan memiliki bias yang rendah apabila data yang digunakan untuk estimasi terdiri dari banyak pejantan, masing-masing pejantan memiliki banyak anak, selisih jumlah anak per pejantan tidak terlalu bervariasi, individu-individu yang datanya digunakan estimasi dipelihara dalam jangka waktu yang tidak terlalu panjang misalnya digunakan data selama 3 tahun dan tidak lebih dari 5 tahun agar variasi lingkungan tidak terlalu tinggi yang dapat menurunkan keakuratan nilai heritabilitas. Selain itu, data yang akan diestimasi

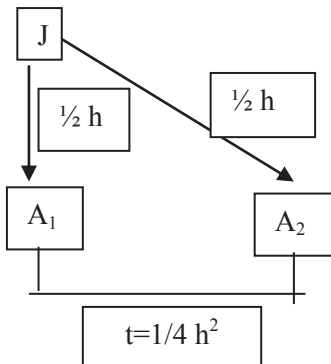
dilakukan koreksi penyetaraan terhadap beberapa faktor yang berpengaruh terhadap produksi.

1. Metode korelasi saudara tiri sebakak

Metode estimasi heritabilitas melalui hubungan kekerabatan saudara tiri sebakak (*halfsib correlation*) menggunakan metode statistik rancangan acak lengkap pola searah (*one way lay out*). Heritabilitas suatu sifat dapat diestimasi dengan metode korelasi saudara tiri sebakak apabila didalam populasi terdapat rekording produksi sekelompok anak-anaknya. Anak-anak tersebut merupakan hasil perkawinan anak yang merupakan anak dari seekor pejantan dan terdapat pejantan-pejantan yang memiliki catatan produksi anak-anaknya. Masing-masing pejantan mengawini banyak betina dan masing-masing betina menghasilkan satu ekor anak (misalnya pada sapi), dan dua sampai tiga ekor anak (misalnya kambing dan domba). Hubungan antaranak pada masing-masing induk per pejantan merupakan hubungan saudara tiri sebakak. Korelasi masing-masing anak dinyatakan dengan huruf "t" dan dapat dijelaskan melalui analisis jalur hubungan saudara tiri seperti pada Gambar 1.3.

Estimasi heritabilitas dengan metode hubungan saudara tiri sebakak merupakan estimasi nilai pewarisan berdasarkan komponen pejantan. Pejantan (J) pada Gambar 1.3 merupakan salah satu dari beberapa pejantan yang digunakan dalam analisis estimasi heritabilitas. Pejantan mewariskan separuh genetiknya ($1/2 h$) kepada anak-anaknya sehingga korelasi antaranak pada setiap pejantan (dinyatakan dengan t) sebesar $(1/2 h) (1/2 h) = 1/4 h^2$. Nilai heritabilitas yang di-estimasi dengan korelasi saudara tiri sebakak sebesar:

$$h^2 = 4 t \text{ karena } t = 1/4/h^2$$



Gambar 1.3. Analisis jalur hubungan antar-saudara tiri (t)

Keterangan:

J = pejantan

A₁ = anak kesatu

A₂ = anak kedua

h = akar heritabilitas = $\sqrt{h^2}$

t = korelasi antar-saudara tiri

h² = heritabilitas

Estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebakap memiliki bias yang rendah yang berarti bahwa nilai yang dihasilkan mencerminkan proporsi genetik aditif yang dapat diwariskan pada keturunannya. Bias yang rendah tersebut disebabkan oleh pejantan hanya mewariskan genetik aditif dan tidak memberikan perawatan selama dalam kandungan induk maupun setelah lahir. Perawatan anak yang tidak dilakukan pejantan selama dalam kandungan induk maupun setelah lahir mengakibatkan sangat rendahnya bahkan tidak adanya ke-ragaman genetik nonaditif yang dapat menutup pengaruh keragaman genetik aditif. Rendahnya keragaman genetik nonaditif yang terdapat pada nilai heritabilitas sifat yang diestimasi

dengan metode hubungan saudara tiri sebakap dapat dinyatakan dalam rumus umum estimasi keragaman genetik (cov_{AP}) sebagai berikut:

$$cov_{relatives} = \alpha V_A + \beta V_D + \alpha^2 V_{AA} + \alpha \beta V_{AD} + \beta^2 V_{DD} + \alpha^3 V_{AAA} + \dots \text{dst.}$$

Persamaan $cov_{relatives}$ tersebut menggambarkan peragam (*covariance*) dan ke-ragaman (*variance*) genetik aditif (A) dan dominan (D). Komponen *covariance* genetik yang terlibat dalam estimasi heritabilitas metode korelasi saudara tiri sebakap adalah $\frac{1}{4} V_A$, $\frac{1}{16} V_{AA}$, $\frac{1}{64} V_{AAA}$ dan dapat dinyatakan dalam rumus sebagai berikut:

$$cov_{relatives} = \frac{1}{4} V_A + \frac{1}{16} V_{AA} + \frac{1}{64} V_{AAA}$$

Komponen keragaman dan peragam pada estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara sebakap

Komponen keragaman dan peragam pada estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebakap dapat dikelompokkan menjadi dua model yaitu:

- a. *balanced design* apabila masing-masing pejantan memiliki jumlah anak yang sama;
- b. *unbalanced design* apabila masing-masing pejantan memiliki jumlah anak yang tidak sama.

Masing-masing metode tersebut akan dibahas secara terpisah.

a. *Balanced design*

Metode ini sangat cocok untuk mengestimasi heritabilitas sifat pada populasi ternak unipara yang memiliki interval generasi panjang misalnya pada sapi atau interval generasi sedang yaitu kambing atau domba. Masing-masing pejantan dikawinkan dengan beberapa ekor betina dan masing-masing betina menghasilkan satu ekor anak. Pada kambing dan domba yang dalam satu kelahiran terdapat lebih dari satu

ekor anak, maka rata-rata kinerja anak per induk digunakan sebagai data untuk diestimasi.

Model statistik estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri seapak.

Model statistik untuk model *balanced design* adalah sebagai berikut:

$$Y_{ik} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ik}$$

Keterangan:

Y_{ik} = kinerja masing-masing individu (anak)

μ = rata-rata

α_i = pengaruh pejantan ke-i

ε_{ik} = simpangan genetik dan lingkungan yang tidak terkontrol yang terdapat pada individu (anak) per pejantan Seluruh pengaruh tersebut bersifat acak, normal, dan bebas dengan harapan sama dengan nol.

Komponen keragaman

Estimasi heritabilitas pada dasarnya menghitung dugaan komponen keragaman genetik yang berasal dari pejantan atau induk. Heritabilitas dapat diestimasi setelah memperoleh nilai komponen keragaman dari sumber-sumber keragaman yang diperhitungkan dalam metode estimasi. Komponen keragaman dihitung dengan bantuan Tabel 2.3.

Tabel analisis keragaman diperlukan untuk membantu penghitungan estimasi heritabilitas. Pada baris antarpejantan, derajat bebas sebesar jumlah pejantan dikurangi 1 ($db_s = s - 1$) digunakan untuk menghitung MS_s yaitu sebesar SS_s dibagi derajat bebas ($MS_s = SS_s / (s - 1)$). Nilai MS_s digunakan untuk menghitung keragaman genetik jantan (σ_s^2) karena besarnya MS_s sama dengan komponen keragaman

antarpejantan ($MS_s = \sigma_w^2 + k\sigma_s^2$). Nilai SSs dihitung berdasarkan rumus seperti pada Tabel 5. Pada baris antaranak dalam pejantan, derajat bebas sebesar jumlah anak dikurangi jumlah pejantan ($d.b_w = n. - s$) digunakan untuk menghitung MS_w yaitu sebesar SS_w dibagi derajat bebas ($MS_w = SS_w / (n. - s)$). Nilai MS_w digunakan untuk mengetahui nilai keragaman genetik antaranak dalam pejantan (σ_w^2) karena MS_w sama dengan σ_w^2 . Nilai SS_w dihitung berdasarkan rumus seperti tertera pada Tabel 2.3.

Tabel 2.3 Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri seapak model *balanced design*

SK(SV)	d.b. (d.f.)	JK (=SS)	KT(=MS)	KTH (=EMS)
Antar pejantan	s-1	JKs (=SSs)	KTs (=MSs.) =SSs/d.b	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$
Antar anak dalam pejantan	n.-s	JKw (=SSw)	KTw(=MSw) =SSw/d.b.	σ_w^2

Keterangan:

- | | | | |
|----|------------------------------|--------------|---------------------------------|
| SK | = sumber keragaman | KTH | = kuadrat tengah harapan |
| SV | = <i>source of variation</i> | EMS | = <i>expected mean square</i> |
| db | = derajat bebas | s (sire) | = jumlah pejantan |
| df | = <i>degree of freedom</i> | k. = n_i | = jumlah individu per pejantan |
| JK | = jumlah kuadrat | n. | = jumlah total individu (anak) |
| SS | = <i>sum of square</i> | σ_s^2 | = keragaman pejantan |
| KT | = kuadrat tengah | σ_w^2 | = keragaman anak dalam pejantan |
| MS | = <i>mean square</i> | | |

Rumus estimasi keragaman genetik dan fenotip bila diasumsikan tidak ada gen terkait seks (jenis kelamin) atau *sex linkage* sebagai berikut:

$$4\sigma_s^2 = 4\text{cov}_{\text{HS}} = V_A + \frac{1}{4}V_{AA} + \frac{1}{16}V_{AAA}$$

Rumus perhitungan komponen keragaman terdapat pada Tabel 3.3.

Tabel 3.3 Rumus perhitungan komponen keragaman dalam estimasi heritabilitas metode korelasi saudara tiri sebak model *balanced design*

SV	SS	MS
Faktor koreksi (FK)	$\frac{Y^2_{..}}{n}$	-----
Antarpejantan	$\sum_i \frac{Y_{i..}^2}{n_i} - \text{FK}$	$MS_s \frac{SS_s}{s-1}$
Anak dalam pejantan	$\sum_i \sum_k Y_{ik}^2 - \sum_i \frac{Y_{i..}^2}{n_i}$	$MS_w = \frac{SS_w}{n.-s}$

Rumus estimasi komponen keragaman:

$$\sigma_w^2 = MS_w \quad \text{dan} \quad \sigma_s^2 = \frac{MS_s - MS_w}{k} \quad \rightarrow \quad \sigma_s^2 + \sigma_w^1 = V_p$$

Rumus estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebak model *balanced design* h_s^2 adalah:

$$h_s^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2}$$

Heritabilitas pada metode ini diberi lambang h_s^2 karena diestimasi berdasarkan komponen pejantan (*sire*).

Rumus salah baku (*standard error* = S.E.) h_s^2 yaitu:

$$\text{S.E.}(h_s^2) = 4 \sqrt{\frac{2(1-t)[1+(k-1)t]^2}{k(k-1)(s-1)}}$$

Huruf t menunjukkan besarnya koefisien korelasi antarindividu yang bersaudara tiri yang datanya digunakan untuk estimasi heritabilitas. Besarnya nilai t pada rumus S.E (h_s^2) diperoleh dengan memasukkan nilai dalam rumus berikut:

$$t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2}$$

Besarnya bias yang terdapat pada nilai heritabilitas dinyatakan dalam salah baku (S.B.) atau *standard of error* (S.E.) nilai heritabilitas. Salah baku yang rendah menunjukkan bahwa heritabilitas memiliki bias yang rendah sehingga apabila digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan akan memperoleh hasil yang tidak terlalu menyimpang dari kondisi nyata di lapangan.

Contoh perhitungan estimasi heritabilitas bobot sapih dengan metode korelasi saudara tiri seapak model *balanced design* pada kambing Kacang (Tabel 4.3).

Tabel 4.3 Bobot sapih kambing Kacang (kg) untuk estimasi heritabilitas

No.individu	Pejantan				
	Bravo (A)	Steven (B)	Pieter (C)	William (D)	Andrew (E)
1	8	4	5	7	5
2	4	3	7	7	4
3	5	4	6	7	7
4	5	4	4	4	9
5	3	7	5	6	3
6	5	2	5	5	8
7	7	4	6	5	5
8	8	8	6	8	4
9	5	3	5	7	9
10	3	4	4	7	8
11	8	3	6	4	3
12	8	4	8	6	5
13	9	4	9	9	6
14	5	7	8	8	9
15	9	2	6	7	8
16	8	4	6	4	5
17	7	4	9	9	7
18	5	3	7	9	4
19	9	8	9	9	8
20	8	5	5	8	6
	129	87	126	136	123

Keterangan:

n. = jumlah seluruh individu = 100

$n_i = k$ = jumlah anak per pejantan = 20

$Y_{..}$ = hasil penjumlahan seluruh data = $8 + 4 + \dots + 8 + 6 = 601$

$$\begin{aligned}\sum_i \sum_k Y_{ik}^2 &= \text{hasil penjumlahan seluruh data yang sudah dikuadratkan} \\ &= 8^2 + 4^2 + \dots + 5^2 + 7^2 = 4.215\end{aligned}$$

Antarpejantan

$$\begin{aligned}& \frac{(\text{hasil penjumlahan data anak pejan tan A})^2 + \dots + (\text{hasil penjumlahan data anak pejan tan E})^2}{(\text{jumlah anak per pejan tan})} \\ &= \frac{(8 + \dots + 8)^2 + \dots + (5 + \dots + 6)^2}{20} = \frac{(129)^2 + (87)^2 + (126)^2 + (136)^2 + (123)^2}{20} \\ &= 832,05 + 378,45 + 793,8 + 924,8 + 756,45 = 3.685,55\end{aligned}$$

Faktor koreksi (FK) =

$$\frac{\text{hasil penjumlahan seluruh data}}{\text{jumlah seluruh data atau individu}} = \frac{(Y_{..})^2}{n} = \frac{601^2}{100} = 3.612,01$$

$$\begin{aligned}SSs &= \text{antarpejantan} - \text{FK} \\ &= 3.685,55 - 3.612,01 = 73,54\end{aligned}$$

$$SSw = \sum_i \sum_k Y_{ik}^2 - \text{antarpejantan} = 4.215 - 3.685,55 = 529,45$$

Analisis keragaman terdapat pada Tabel 5.3.

Tabel 5.3 Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas bobot sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri seapak model *balanced design*

SK(SV)	db (df)	JK (SS)	KT(MS)	KTH (EMS)
Antar pejantan	= s-1 = 5 - 1 = 4	JKs (SSs) = 73,54	KTs (MSs) =73,54/4 =18,385	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$ = $\sigma_w^2 + 20\sigma_s^2$ =18,385
Anak dalam pejantan	n.-s =100 - 5 = 95	JKw (SSw) = 529,45	KTw(MSw) = 529,45/95 = 5,5731	$\sigma_w^2 = 5,5731$

Menghitung besarnya σ_s^2 :

$$\sigma_w^2 + 20\sigma_s^2 = 18,385 \quad \rightarrow \quad \sigma_w^2 = 5,5731$$

$$5,5731 + 20\sigma_s^2 = 18,385$$

$$20\sigma_s^2 = 18,385 - 5,5731 = 12,8119 \quad \rightarrow \quad \sigma_s^2 = 0,6406$$

$$t = \sigma_s^2 + \sigma_w^2 = 0,6406 + 5,5731 = 6,2137$$

Menghitung h_s^2 $h_s^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{4(0,6406)}{0,6406 + 5,5731} = 0,4124$

Menghitung S.E.(h_s^2) $t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{0,6406}{0,6406 + 5,5731} = \frac{0,6406}{6,2137} = 0,1031$

$$S.E.(h_s^2) = 4 \sqrt{\frac{2(1 - 0,1031)[1 + (20 - 1)(0,1031)]^2}{20(20 - 1)(5 - 1)}} = 0,1972$$

Heritabilitas bobot sapih kambing Kacang (h_s^2) = $0,4124 \pm 0,1972$. Heritabilitas bobot sapih sebesar 0,4124 dapat diartikan bahwa keragaman bobot sapih antar- individu dalam populasi yang diamati sebanyak 41,24% disebabkan oleh ke-ragaman genetik aditif dan sisanya sebesar 58,76% (berasal dari 100,00% -41,24%) disebabkan oleh keragaman genetik nonaditif. Heritabilitas tersebut termasuk kelas tinggi dan memiliki bias yang rendah karena nilai salah bakunya lebih rendah daripada nilai heritabilitas sehingga dapat digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan.

Hasil estimasi heritabilitas seringkali memperoleh nilai dengan salah baku yang lebih tinggi daripada heritabilitas yang diperoleh. Hal tersebut dicontohkan pada estimasi heritabilitas bobot sapih kambing Kacang pada Tabel 6.3.

Tabel 6.3 Bobot sapih (kg) kambing Kacang di Kelompok Tani Rahayu, Desa Muara Putih, Kecamatan Natar.

No. urut anak	Nama Pejantan				
	A	B	C	D	E
1	7,6	6,9	6,9	6,7	8,0
2	7,7	7,6	7,6	7,3	7,3
3	8,8	6,6	6,3	7,4	7,5
4	7,5	7,6	8,3	6,7	6,8
5	7,8	7,0	7,5	8,0	7,5
6	8,4	7,7	8,2	7,7	8,8
7	7,8	7,7	8,1	7,4	7,2
8	8,0	8,1	6,7	7,2	7,7

n. = jumlah seluruh individu = 40

$n_i = k$ = jumlah anak per pejantan = 8

Y.. = jumlah seluruh data = $7,6 + 7,7 + \dots + 7,2 + 7,7 = 301,6$

$$\sum_i \sum_k Y_{ik}^2 = \text{jumlah seluruh data yang sudah dikuadratkan}$$
$$= 7,6^2 + 7,7^2 + \dots + 7,2^2 + 7,7^2 = 2.287,12$$

Antarpejantan

$$\frac{(\text{hasil penjumlahan data anak pejantan A})^2 + \dots + (\text{hasil penjumlahan data anak pejantan E})^2}{(\text{jumlah anak per pejantan})}$$

$$= \frac{(7,6 + \dots + 8)^2 + \dots + (8 + \dots + 7,7)^2}{8} = \frac{(63,60)^2 + (59,20)^2 + (59,60)^2 + (58,40)^2 + (60,80)^2}{8}$$

$$= 505,62 + 438,08 + 444,02 + 426,32 + 462,08 = 2.276,12$$

$$\text{Faktor koreksi (FK)} = \frac{\text{hasil penjumlahan seluruh data}}{\text{jumlah seluruh data atau individu}} = \frac{(Y_{..})^2}{n} = \frac{301,6^2}{40}$$
$$= 2.274,06$$

$$SS_s = \text{antarpejantan} - \text{FK} = 2.276,12 - 2.274,06 = 2,06$$

$$SS_w = \sum_i \sum_k Y_{ik}^2 - \text{Antar pejantan} = 2.287,12 - 2.276,12 = 11,00$$

Tabel analisis keragaman terdapat pada Tabel 7.3.

Tabel 7.3 Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas bobot sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri seapak model *balanced design*.

SK(SV)	db (df)	JK (SS)	KT(MS)	KTH (EMS)
Antar-pejantan	= s-1 = 5 - 1 = 4	JKs (SSs) = 2,06	KTs (MSs) = 2,06/4 = 0,5140	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$ = $\sigma_w^2 + 8\sigma_s^2$ = 0,5140
Anak dalam pejantan	n. - s = 40 - 5 =35	JKw (SSw) =11,00	KTw (MSw) =11,00/35=0,3143	$\sigma_w^2 = 0,3143$

Menghitung besarnya σ_s^2 :

$$\sigma_w^2 + 8\sigma_s^2 = 0,5140 \quad \rightarrow \quad \sigma_w^2 = 0,3143$$

$$0,3143 + 8\sigma_s^2 = 0,5140$$

$$8\sigma_s^2 = 0,5140 - 0,3143 = 0,1997 \quad \rightarrow \quad \sigma_s^2 = 0,0643$$

Menghitung h_s^2

$$h_s^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{4(0,0643)}{0,0643 + 0,3143} = 0,68$$

Menghitung S.E.(h_s^2)

$$S.E.(h_s^2) = 4\sqrt{\frac{2(1-t)[1+(k-1)t]^2}{k(k-1)(s-1)}}$$

$$t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{0,0643}{0,0643 + 0,3143} = 0,1698$$

$$S.E.(h_s^2) = 4\sqrt{\frac{2(1-0,1698)[1+(8-1)(0,1698)]^2}{8(8-1)(5-1)}} = 0,7532$$

Hasil estimasi h_s^2 ($0,68 \pm 0,7532$) yang berarti bahwa keragaman bobot sapih antar-individu dalam populasi yang diamati sebesar 68% disebabkan oleh keragaman genetik aditif dan sisanya sebesar 32% oleh keragaman genetik nonaditif.

Estimasi heritabilitas tersebut termasuk dalam kelas tinggi namun memiliki salah baku yang tinggi bahkan lebih tinggi daripada nilai heritabilitas yang diperoleh sehingga nilai tersebut tidak dapat digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan, Salah baku yang tinggi bahkan lebih tinggi daripada nilai heritabilitas menunjukkan bahwa data yang dianalisis memiliki bias yang tinggi karena metode analisis tidak dapat memisahkan keragaman genetik nonaditif dari keragaman genetik aditif. Apabila nilai heritabilitas dengan nilai salah baku yang tinggi maka perlu dilakukan evaluasi dan analisis kembali agar nilai heritabilitas dapat digunakan lebih lanjut dalam kegiatan seleksi di lokasi penelitian Berdasarkan pengalaman penulis, beberapa faktor yang menyebabkan nilai heritabilitas memiliki bias yang tinggi antara lain:

- a. data yang dianalisis berasal dari individu-individu yang dipelihara dalam jangka waktu terlalu panjang; misalnya 5 tahun sehingga memiliki perbedaan kondisi lingkungan yang tinggi;
- b. jumlah data individu per pejantan terlalu sedikit atau jumlah jantan terlalu sedikit atau perbedaan jumlah individu per pejantan terlalu tinggi;
- c. data tidak terdistribusi secara normal.

Beberapa hal yang harus dilakukan agar nilai heritabilitas yang diperoleh memiliki bias yang rendah yaitu:

- a. melakukan penyesuaian data terhadap beberapa faktor penyebab keragaman melalui faktor koreksi. Misalnya data produksi susu dikoreksi terhadap umur induk dan lama laktasi, bobot sapih kambing terhadap kelahiran tunggal, umur induk, dan jenis kelamin. Faktor koreksi harus ditentukan berdasarkan kondisi di

- lokasi penelitian dan bukan menggunakan faktor koreksi yang digunakan peneliti di lain lokasi dan waktu yang berbeda;
- menggunakan data individu yang dipelihara dalam jangka waktu paling pendek, misalnya 1 atau 2 tahun sehingga tidak terdapat perbedaan lingkungan yang tinggi;
 - jumlah data per pejantan tidak terlalu bervariasi dan jumlah jantan yang digunakan banyak; paling sedikit 5 pejantan dengan jumlah anak per pejantan paling sedikit 30 ekor;
 - data yang dianalisis terdistribusi secara normal.

b. *Unbalanced design*

Model *unbalanced design* digunakan dalam estimasi heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebakap yang jumlah anak per pejantan tidak sama.

Rumus-rumus yang digunakan sama dengan pada model *balanced design* tetapi berbeda dalam nilai koefisien keragaman (k). Berdasarkan adanya perbedaan nilai k , maka simbol koefisien keragaman pada model *unbalanced design* adalah k_1 . Nilai k pada *balanced design* sama dengan jumlah anak per pejantan sedangkan dalam mode *unbalanced design* dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$k_1 = \frac{1}{s-1} \left(n - \frac{\sum n_i^2}{n} \right)$$

Keterangan:

k_1 = koefisien keragaman

s = jumlah pejantan

n = jumlah individu (anak) total

$\sum n_i^2$ = hasil penjumlahan dari jumlah anak per pejantan yang dikuadratkan

Contoh perhitungan k_1 adalah pada estimasi heritabilitas yang menggunakan data 10 ekor pejantan dengan jumlah anak per pejantan yang tertera pada Tabel 8.3.

Tabel 8.3 Data jumlah anak per pejantan.

	Nama pejantan									
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
Jumlah anak (ekor)	52	46	42	50	49	47	45	51	44	43

$$k_1 = \frac{1}{s-1} \left(n. - \frac{\sum n_i^2}{n} \right)$$

$$s = 10 \text{ ekor}$$

$$n. = \text{jumlah total anak}$$

$$= 52 + 46 + 42 + 50 + 49 + 47 + 45 + 51 + 44 + 43 = 469$$

$$\sum n_i^2 = 52^2 + 46^2 + 42^2 + 50^2 + 49^2 + 47^2 + 45^2 + 51^2 + 44^2 + 43^2 = 22.105$$

$$\Rightarrow k_1 = \frac{1}{10-1} \left(469 - \frac{22.105}{469} \right) =$$

$$\frac{1}{9} (469 - 47,1322) = \frac{1}{9} (421,8678) = 46,8742$$

Nilai k_1 berada pada kisaran nilai n terendah dan tertinggi. Pada contoh soal ini, n terendah 42 dan tertinggi 52; berarti $k_1=46,8742$ berada di antara nilai terendah (42) dan tertinggi (52).

Contoh perhitungan estimasi heritabilitas dengan metode hubungan saudara tiri seapak model *unbalanced design* diberikan pada bobot sapih populasi kambing Kacang. Data bobot sapih keturunan dari 5 ekor pejantan dengan jumlah anak per pejantan yang bervariasi dan tidak sama digunakan dalam estimasi heritabilitas tersebut. Data bobot sapih anak-anak kambing Kacang dari 5 ekor pejantan ter-dapat pada Tabel 9.3.

Tabel 9.3 Data bobot sapih (kg) cembe Kacang dari 5 ekor pejantan

No. urut	Pejantan				
	Bravo	Steven	Pieter	William	Andrew
1	8	4	5	7	5
2	4	3	4	4	4
3	5	4	6	7	7
4	5	4	4	4	3
5	3	7	5	6	3
6	5	2	5	5	8
7	7	4	6	5	5
8	5	4	6	3	4
9	5	3	5	4	9
10	3	4	4	7	3
11	8	3	6	4	3
12	4	4	4	6	3
13	5	4	5	5	6
14	5	7	5	5	6
15	3	2	6	7	5
16	5	4	6	4	4
17	7	4	6	4	-
18	5	3	7	-	-
19	5	5	-	-	-
20	3	-	-	-	-

Jumlah anak per pejantan tidak sama sehingga k_1 dihitung dengan

rumus sebagai berikut:
$$k_1 = \frac{1}{s-1} \left(n - \frac{\sum n_i^2}{n} \right)$$

s = jumlah pejantan = 5

n . = jumlah total individu = 20 + 19 + 18 + 17 + 16 = 90

$$\sum n_i^2 = 20^2 + 19^2 + 18^2 + 17^2 + 16^2 = 1.630$$

$$k_1 = \frac{1}{5-1} \left(90 - \frac{1.630}{90} \right) = 17,9722$$

n . = jumlah seluruh individu = 20 + 19 + 18 + 17 + 16 = 90

$Y_{..}$ = jumlah seluruh data = 8 + 4 + 5 + ... + 6 + 5 + 4 = 435

$\sum_i \sum_k Y_{ik}^2$ = jumlah seluruh data yang sudah dikuadratkan

$$= 8^2 + 4^2 + 5^2 + \dots + 6^2 + 5^2 + 4^2 = 2.293$$

Antar pejantan =

$$\frac{(\text{hasil penjumlahan data anak pejantan A})^2 + \dots + (\text{hasil penjumlahan data anak pejantan E})^2}{(\text{jumlah anak per pejantan})}$$

$$= \frac{(8 + \dots + 3)^2}{20} + \frac{(3 + \dots + 5)^2}{19} + \frac{(5 + \dots + 7)^2}{18} + \frac{(7 + \dots + 4)^2}{17} + \frac{(5 + \dots + 4)^2}{16} =$$

$$= 500,00 + 296,05 + 501,39 + 445,24 + 380,25 = 2122,93$$

$$\text{Faktor koreksi (FK)} = \frac{\text{hasil penjumlahan seluruh data}}{\text{jumlah seluruh data atau individu}} = \frac{(Y_{..})^2}{n} = \frac{435^2}{90} =$$

$$2.102,50$$

SS_s = antarpejantan - FK

$$= 2.122,93 - 2.102,50 = 20,43$$

$$SS_w = \sum_i \sum_k Y_{ik}^2 - \text{antarpejantan} = 2.293 - 2.122,93 = 170,07$$

Analisis keragaman terdapat pada Tabel 10.3.

Tabel 10.3. Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas bobot sapih kambing Kacang dengan metode korelasi saudara tiri sebakap model *unbalanced design*

SK(SV)	db (df)	JK (SS)	KT(MS)	KTH (MS)
Antarpejantan	= s-1 = 5 - 1 = 4	JKs (SSs) = 20,43	KTs (MSs) = 20,43/4 = 5,1075	$\sigma_w^2 + 17,97\sigma_s^2$ = 5,1075
Anak dalam pejantan	= n. - s = 90 - 5 = 85	JKw (SSw) = 170,07	KTw(MSw) = 170,07/85 = 2,0008	$\sigma_w^2 = 2,0008$

Menghitung besarnya σ_s^2 :

$$\sigma_w^2 + 17,97\sigma_s^2 = 5,1075 \quad \rightarrow \quad \sigma_w^2 = 2,0008$$

$$2,0008 + 17,97\sigma_s^2 = 5,1075$$

$$\sigma_s^2 = \frac{5,1075 - 2,0008}{17,97} = 0,1729$$

Menghitung h_s^2

$$h_s^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{4(0,1729)}{0,1729 + 2,0008} = 0,3182$$

Menghitung S.E.(h_s^2)

$$S.E.(h_s^2) = 4\sqrt{\frac{2(1-t)[1+(k-1)t]^2}{k(k-1)(s-1)}}$$

$$t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2} = \frac{0,1729}{0,1729 + 2,0008} = 0,0795$$

$$\text{S.E.}(h_s^2) = 4 \sqrt{\frac{2(1-0,0795)[1+(17,97-1)(0,0795)]^2}{17,97(17,97-1)(5-1)}} = 0,3650$$

Hasil estimasi menunjukkan bahwa heritabilitas bobot sapih kambing Kacang $0,3182 \pm 0,3650$ yang berarti bahwa heritabilitas termasuk kelas sedang namun memiliki salah baku yang lebih tinggi daripada nilai heritabilitas. Oleh karena itu, heritabilitas tidak dapat digunakan dalam penghitungan rumus-rumus pemuliaan. Salah baku yang tinggi tersebut dapat disebabkan oleh tingginya keragaman data yang disebabkan oleh faktor lingkungan yang tidak terkontrol. Faktor lingkungan tersebut disingkirkan dengan menggunakan faktor koreksi agar memperoleh heritabilitas dengan salah baku yang rendah. Langkah penghitungan estimasi heritabilitas yang dicontohkan dalam buku ini dan penyebab bias yang tinggi diharapkan merupakan rujukan yang bermanfaat dalam memilih data yang akan digunakan untuk estimasi heritabilitas.

2. Metode pola tersarang (*nested hierarchal design*)

Metode pola tersarang (*nested hierarchal design*) digunakan dalam estimasi heritabilitas apabila terdapat data kinerja suatu sifat dari individu-individu yang merupakan hasil perkawinan antara pejantan dengan beberapa induk, Beberapa pejantan mengawini beberapa induk dan setiap perkawinan menghasilkan beberapa anak, Anak (individu) tersarang dalam induk, induk tersarang dalam pejantan sehingga metode tersebut dinyatakan sebagai pola tersarang atau *nested*, Metode *nested* dapat digunakan apabila koefisien *inbreeding* atau koefisien silang dalam nol.

Nilai heritabilitas yang diestimasi dengan metode *nested* ada tiga kemungkinan yaitu nilai heritabilitas berdasarkan komponen pejantan yang dilambangkan dengan h_s^2 (s =sire=pejantan), berdasarkan komponen induk yang dilambangkan dengan h_d^2 (d =dam=induk), berdasarkan komponen induk dan pejantan yang dilambangkan dengan h_{s+d}^2 , Tiga nilai heritabilitas yang diperoleh tersebut tidak selalu

memiliki nilai yang normal, seringkali hanya diperoleh salah satu atau dua di antaranya yang nilainya dalam kisaran normal, Nilai heritabilitas yang normal yang selanjutnya digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan.

Setiap metode estimasi heritabilitas memiliki perbedaan dalam kemampuannya memisahkan keragaman genetik aditif dari keragaman genetik non aditif, Kemampuan masing-masing metode tersebut sangat dipengaruhi oleh tetua (pejantan dan induk) serta hubungan antar individu yang datanya digunakan untuk estimasi. Model genetik merupakan model yang menggambarkan hubungan genetik antar individu dengan individu serta antara individu dengan tetuanya agar dapat diketahui korelasi genetik diantara individu tersebut. Model genetik sangat membantu peneliti untuk mengetahui keterandalan nilai heritabilitas yang diperoleh berdasarkan komponen keragaman genetik tetua dan antar anak-anaknya.

Komponen pejantan (*sire*) menyebabkan perbedaan kinerja individu yang memiliki hubungan saudara tiri (*half sib correlation*), Komponen keragaman antar pejantan dinyatakan dengan σ_s^2 , Komponen induk menyebabkan perbedaan kinerja individu yang memiliki hubungan saudara kandung (*full sib correlation*) maupun saudara tiri (*half sib correlation*), Komponen keragaman induk dinyatakan dengan σ_d^2 , Oleh karena itu keragaman genetik antar induk merupakan peragam antar individu yang memiliki hubungan saudara kandung (cov_{FS}) dikurangi dengan peragam antar individu yang bersaudara tiri (cov_{HS}) yang dapat dinyatakan dengan persamaan sebagai berikut:

$$\sigma_d^2 = cov_{FS} - cov_{HS}$$

Peragam (*covariance*) genetik antar individu yang bersaudara tiri (cov_{HS}) dinyatakan dalam persamaan:

$$cov_{HS} = \frac{1}{4} V_A + \frac{1}{16} V_{AA} + \frac{1}{64} V_{AAA} + \dots,$$

Peragam genetik antar individu yang bersaudara tiri merupakan hasil aksi gen aditif sehingga heritabilitas yang diestimasi berdasarkan hubungan saudara tiri seapak memiliki bias yang rendah, Heritabilitas pada dasarnya menduga proporsi keragaman fenotipik yang disebabkan oleh keragaman genetik aditif, Peragam (*covariance*) genetik antar individu yang bersaudara kandung (*full sib*) dapat dinyatakan dalam persamaan:

$$\text{Cov}_{\text{FS}} = \frac{2}{4} V_A + \frac{1}{4} V_D + \frac{1}{4} V_{AA} + \frac{1}{8} V_{AD} + \frac{1}{16} V_{DD} + \frac{1}{8} V_{AAA} + \dots$$

Heritabilitas yang diestimasi berdasarkan korelasi saudara kandung memiliki bias yang tinggi karena terdapat pengaruh keragaman genetik dominan yang merupakan keragaman genetik non aditif yang terlibat dalam estimasi, Adanya keragaman genetik non aditif mengurangi keterandalan nilai heritabilitas, Komponen keragaman anak dalam pejantan (σ_w^2) mengandung sisa keragaman genetik dan keragaman lingkungan,

Model statistik dalam estimasi parameter genetik sangat diperlukan untuk menjelaskan faktor-faktor yang perlu diperhitungkan dalam rumus estimasi, Model statistik dari metode *nested* adalah:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + e_{ijk}$$

Keterangan:

Y_{ijk} = catatan kinerja anak ke-k dari induk ke-j yang kawin dengan pejantan ke-i

μ = rata-rata populasi

α_i = pengaruh pejantan ke-i

β_{ij} = pengaruh induk ke-j yang kawin dengan pejantan ke-i

e_{ijk} = simpangan lingkungan dan genetik yang tidak terkontrol yang berpengaruh terhadap individu,

Berdasarkan model statistik tersebut diketahui bahwa pejantan, induk, dan anak merupakan sumber keragaman data sehingga komponen pejantan, antar induk dalam pejantan, dan antar anak dalam induk dipisahkan dan masing-masing memiliki komponen keragaman yang berbeda, Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas dengan metode *nested* terdapat pada Tabel 11.3.

Tabel 11.3 Analisis keragaman untuk estimasi heritabilitas dengan metode *nested*

Sumber keragaman	d,f,	SS	MS	EMS (Komponen keragaman)
Antar pejantan	s-1	SS _s	MS _s	$\sigma_w^2 + k_2\sigma_d^2 + k_3\sigma_s^2$
Antar induk dalam pejantan	d-s	SS _d	MS _d	$\sigma_w^2 + k_1\sigma_d^2$
Antar anak dalam induk	n _{.,} -d	SS _w	MS _w	σ_w^2

Keterangan:

s = pejantan

d = induk

w = anak (individu)

$k_1 = k_2$ =jumlah anak per induk

k_3 =jumlah anak per pejantan

Tabel analisis keragaman diperlukan untuk membantu peneliti dalam memperoleh nilai heritabilitas. Masing-masing baris yang terdiri dari 5 kolom berkaitan erat, Pada baris antar pejantan, derajat bebas sebesar jumlah pejantan dikurangi satu. Kuadrat tengah (MSs) merupakan hasil pembagian SSs dengan derajat bebas sebesar s-1.

Besarnya kuadrat tengah yang diperoleh sama dengan besarnya komponen keragaman atau kuadrat tengah harapan. Pada baris antar

pejantan, besarnya $MS_s = \sigma_w^2 + k_2\sigma_d^2 + k_3\sigma_s^2$, Pada baris antar induk dalam pejantan, derajat bebas sebesar jumlah induk (d) dikurangi jumlah pejantan (s). Kuadrat tengah (MS_d) merupakan hasil pembagian SS_d dengan derajat bebas sebesar d-s, Besarnya kuadrat tengah (MS_d) yang diperoleh sama dengan besarnya komponen keragaman atau kuadrat tengah harapan ($MS_d = \sigma_w^2 + k_1\sigma_d^2$), Pada baris antar anak dalam induk, derajat bebas sebesar jumlah seluruh individu dikurangi jumlah induk ($n, -d$). Nilai MS_w diperoleh dari SS_w dibagi derajat bebas ($MS_w = SS_w / (n, -d)$) dan nilai $MS_w = \sigma_w^2$. Berdasarkan nilai σ_w^2 , maka besarnya σ_d^2 dan σ_s^2 dapat dihitung yang selanjutnya digunakan untuk menghitung estimasi heritabilitas.

Rumus-rumus penghitungan estimasi heritabilitas dengan metode *nested hierarchal design*

Tabulasi data dalam estimasi heritabilitas berbeda pada setiap metode estimasi. Penyusunan data harus disesuaikan dengan metode yang akan digunakan untuk mempermudah melakukan penghitungan, Susunan atau tata letak data pada estimasi heritabilitas dengan metode *nested* dapat dilihat pada Tabel 12.3. Tabel tersebut digunakan pada estimasi heritabilitas yang menggunakan data 5 pejantan (misalnya pejantan A, B, C, D, dan E), masing-masing pejantan mengawini 3 ekor induk, masing-masing induk melahirkan 3 anak.

Rumus-rumus untuk menghitung faktor koreksi (FK), jumlah kuadrat, kuadrat tengah dan keragaman genetik terdapat pada Tabel 12.3.

Tabel 12.3 Contoh tata letak data untuk estimasi heritabilitas dengan metode *neste hierarchal design*

Pejantan	Induk	Kinerja anak			Y_{ij} ,	$Y_{i.}$,
A	1,,		
	2,,		
	3,,		
B	1,,		
	2,,		
	3,,		
C	1,,		
	2,,		
	3,,		
D	1,,		
	2,,		
	3,,		
E	1,,		
	2,,		
	3,,		

Rumus-rumus untuk menghitung FK, SS, dan MS pada estimasi heritabilitas dengan metode *nested hierarchal design* terdapat pada Tabel 13.3.

Tabel 13.3 Rumus-rumus untuk menghitung FK, SS, MS, dan keragaman genetik

Sumber keragaman	d.b.	SS	MS
$FK = \frac{Y_{..}^2}{n}$			
Antar pejantan	$db = s - 1$	$SS_s = \sum_i \frac{\sum Y_{i.}^2}{n_{i.}} - FK$	$MS_s = \frac{SS_s}{d.b.}$
Antar induk dalam pejantan	$db = d - s$	$SS_d = \sum_i \sum_j \frac{\sum^2_{ij}}{n_{ij}} - \sum_i \frac{\sum Y_{i.}^2}{n_{i.}}$	$MS_d = \frac{SS_d}{d.b.}$
Antar anak dalam induk	$db = n_{..} - s$	$SS_w = \sum_i \sum_j \sum_k \frac{\sum^2_{ijk}}{n_{ijk}} - \sum_i \sum_j \frac{\sum Y_{ij.}^2}{n_{ij.}}$	$MS_w = \frac{SS_w}{d.b.}$

Komponen keragaman dihitung dengan cara dan rumus sebagai berikut:

$$\sigma_w^2 = MS_w; \quad \sigma_d^2 = \frac{MS_d - MS_w}{k_1}; \quad \sigma_s^2 = \frac{MS_s - \sigma_w^2 - k_2 \sigma_d^2}{k_3}$$

Nilai k_1 sama dengan k_2 apabila jumlah individu per induk dan jumlah induk per pejantan sama sehingga $\sigma_s^2 = \frac{MS_s - MS_D}{k_3}$,

Berdasarkan nilai σ_s^2 , σ_d^2 , dan σ_w^2 , maka terdapat tiga kemungkinan nilai heritabilitas yang diperoleh dengan rumus masing-masing sebagai berikut:

$$(1) h_d^2 = \frac{4\sigma_d^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2};$$

$$(2) h_s^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2};$$

$$(3) h_{s+d}^2 = \frac{2(\sigma_s^2 + \sigma_d^2)}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}$$

Salah baku untuk masing-masing heritabilitas dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$(1) \text{ S.E. } (h_s^2) = \frac{4(\text{S.E.}(\sigma_s^2))}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}; \text{ S.E. } (\sigma_s^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_s^2)}$$

$$\text{Var } (\sigma_s^2) = \frac{2}{k_3^2} \left(\frac{\text{MS}_s^2}{\text{d.f.}_{(s)} + 2} + \frac{\text{MS}_d^2}{\text{d.f.}_{(d)} + 2} \right)$$

$$(2) \text{ S.E. } (h_d^2) = \frac{4(\text{S.E.}(\sigma_d^2))}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}; \text{ S.E. } (\sigma_d^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_d^2)}$$

$$\text{Var } (\sigma_d^2) = \frac{2}{k_2^2} \left(\frac{\text{MS}_d^2}{\text{d.f.}_{(d)} + 2} + \frac{\text{MS}_w^2}{\text{d.f.}_{(w)} + 2} \right)$$

$$(3) \text{ S.E. } (h_{s+d}^2) = \frac{2\sqrt{\text{var}(\sigma_s^2) + \text{var}(\sigma_d^2) + 2\text{cov}(\sigma_s^2\sigma_d^2)}}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}$$

$$\text{S.E. } (\sigma_{s+d}^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_{s+d}^2)}$$

Nilai k_1 , k_2 , dan k_3 dihitung dengan rumus tertentu apabila jumlah anak per induk maupun jumlah induk per pejantan tidak sama. Rumus-rumus tersebut adalah:

$$k_1 = \left[n_{..} - \sum_i \frac{j}{n_i} \right] / \text{d.f.}(dam);$$

$$k_2 = \left[\sum_i \frac{\sum_j n_{ij}^2}{n_i} - \frac{\sum_i \sum_j n_{ij}^2}{n..} \right] / \text{d.f.}(\text{sire})$$

$$k_3 = \left[n.. - \frac{\sum_i n_i^2}{n..} \right] / \text{d.f.}(\text{progeny})$$

Contoh perhitungan estimasi heritabilitas dengan metode *nested hierarchal design* diberikan Becker (1992) pada populasi ayam *White Rock*, Lima ekor pejantan dipilih secara acak sebagai sampel. Pejantan mengawini 3 ekor induk, masing-masing induk menghasilkan 3 ekor anak. Bobot badan anak ayam ditimbang pada umur 8 minggu. Heritabilitas bobot badan anak ayam pada umur 8 minggu akan diestimasi dengan metode *nested*. Data tersebut sudah ditabulasi dan terdapat pada Tabel 14.3.

Tabel 14.3 Data bobot badan anak ayam *White Rock* umur 8 minggu (g)

Pejantan	Induk	Anak			Y_{ij}	$Y_{i.}$
A	1	965	813	765	2543	
	2	803	640	714	2157	
	3	644	753	705	2102	
						6802
B	4	740	798	941	2479	
	5	701	847	909	2457	
	6	909	800	853	2562	
						7498
C	7	696	807	800	2303	
	8	752	863	739	2354	
	9	686	832	796	2314	
						6971
D	10	979	798	788	2565	

	11	905	880	770	2555	
	12	797	721	765	2283	
						7403
E	13	809	756	775	2340	
	14	887	935	937	2759	
	15	872	811	925	2608	
						7707

$$Y_{...} = 965 + 803 + 644 + \dots + 775 + 937 + 925 = 36,381$$

$$\sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 = 965^2 + 803^2 + 644^2 + \dots + 775^2 + 937^2 + 925^2 = 29,729,879$$

$n_{..}$ = total jumlah anak = 45

n_i = jumlah anak per pejantan = 9

n_j = jumlah induk per pejantan

n_{ij} = jumlah anak per induk = 3

s = jumlah pejantan = 5

d = jumlah induk = 15

$$\text{Faktor koreksi (=FK)} = \frac{(Y_{...})^2}{n_{..}} = \frac{36.381^2}{45} = 29,412,825$$

$$\text{Antar pejantan} = \frac{6802^2 + 7498^2 + 6971^2 + 7403^2 + 7707^2}{9} = 29,476,034$$

$$SS_s = \text{Antar pejantan} - \text{FK} = 29,476,034 - 29,412,825 = 63,209$$

$$\begin{aligned} \text{Antar induk} &= \frac{2543^2 + 2157^2 + 2102^2 + \dots + 2340^2 + 2759^2 + 2608^2}{3} \\ &= 29,564,147 \end{aligned}$$

$$SS_d = \text{Antar induk} - \text{antar pejantan} = 29,564,147 - 29,476,034 = 88,113$$

$$SS_w = \sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}^2 - \text{Antar induk} = 29,729,879 - 29,564,147 = 163,132$$

Analisis keragaman terdapat pada Tabel 15.3.

Tabel 15.3 Analisis keragaman bobot badan ayam *White Rock* umur 8 bulan untuk estimasi heritabilitas metode *nested hierarchal design*

Sumber keragaman	d,f,	SS	MS	Komponen keragaman
Antar pejantan	5-1=4	63,209	15,802	$\sigma_w^2 + 3\sigma_d^2 + 9\sigma_s^2$
Antar induk dalam pejantan	15-5=10	88,113	8,811	$\sigma_w^2 + 3\sigma_d^2$
Antar anak dalam innduk	45-15=30	163,132	5,524	σ_w^2

$$\sigma_w^2 = 5,524$$

$$\text{Var}(\sigma_w^2) = 2 (MS_w)^2 / d.f._{(w)} + 2 = 2 (5,524^2) / (30 + 2) = 1,907,161$$

$$S.E.(\sigma_w^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_w^2)} = \sqrt{1.907.161} = 1,381$$

$$k_1 = k_2 = 3; k_3 = 9$$

$$(\sigma_d^2) = \frac{MS_d - MS_w}{k_2} = \frac{8.811 - 5.524}{3} = 1,095$$

$$\text{var}(\sigma_d^2) = \frac{2}{k_2^2} \left[\frac{MS_d^2}{d.f._{(d)} + 2} + \frac{MS_w^2}{d.f._{(w)} + 2} \right] = \frac{2}{3^2} \left[\frac{8.811^2}{10+2} + \frac{5.524^2}{30+2} \right] = 1.648.656$$

$$S.E.(\sigma_d^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_d^2)} = \sqrt{1.648.656} = 1,284$$

$$\sigma_s^2 = \frac{MS_s - MS_d}{k_3} = \frac{15.802 - 8.811}{9} = 776$$

$$\text{var}(\sigma_s^2) = \frac{2}{k_3^2} \left[\frac{MS_s^2}{d.f._{(s)} + 2} + \frac{MS_d^2}{d.f._{(d)} + 2} \right] = \frac{2}{9^2} \left[\frac{15.802^2}{4+2} + \frac{8.611^2}{10+2} \right] = 1,168,100$$

$$\text{S.E.}(\sigma_s^2) = \sqrt{\text{var}(\sigma_s^2)} = \sqrt{1.168.100} = 1,090$$

Keragaman fenotipik dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$V_p = \sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2 = 776 + 1,095 + 5,524 = 7,395$$

Estimasi heritabilitas sebagai berikut:

a, heritabilitas berdasarkan komponen pejantan (h_s^2)

$$h_s^2 = \frac{4(\sigma_s^2)}{V_p} = \frac{4(776)}{7.395} = 0,42$$

$$\text{S.E.}(h_s^2) = \frac{4(\text{S.E.}(\sigma_s^2))}{V_p} = \frac{4(1.090)}{7.395} = 0,58$$

b, heritabilitas berdasarkan komponen induk (h_d^2)

$$h_d^2 = \frac{4(\sigma_d^2)}{V_p} = \frac{4(1.095)}{7.395} = 0,59$$

$$\text{S.E.}(h_d^2) = \frac{4(\text{S.E.}(\sigma_d^2))}{V_p} = \frac{4(1.284)}{7.395} = 0,69$$

c, heritabilitas berdasarkan komponen pejantan dan induk

$$h_{s+d}^2 = \frac{2(\sigma_s^2 + \sigma_d^2)}{V_p} = \frac{2(776+1.095)}{7.395} = 0,51$$

$$\text{cov}(\sigma_s^2 \sigma_d^2) = [\text{var}(\sigma_w^2) - k_2^2(\text{var}(\sigma_d^2))]/(k_2 k_3)$$

$$\text{cov}(\sigma_s^2 \sigma_d^2) = [1.907.161 - 3^2(1.648.656)]/(3)(9) = 478.916$$

$$\text{S.E.}(h_{s+d}^2) = \frac{2\sqrt{\text{var}(\sigma_s^2) + \text{var}(\sigma_d^2) - (2 \text{cov}(\sigma_s^2 \sigma_d^2))}}{V_p}$$

$$\text{S.E.}(h_{s+d}^2) = \frac{2\sqrt{1.188.100 + 1.648.656 - 2(478.916)}}{7.395} = 0,37$$

Hasil penghitungan menunjukkan bahwa heritabilitas berdasarkan komponen pejantan dan induk memiliki nilai yang paling baik karena salah baku yang diperoleh lebih rendah ($0,51 \pm 0,37$), Heritabilitas berdasarkan komponen jantan ($0,42 \pm 0,58$) dan berdasarkan komponen induk ($0,59 \pm 0,69$) masing-masing memiliki salah baku yang lebih tinggi daripada nilai heritabilitas sehingga memiliki bias yang tinggi dan tidak akurat bila digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan.

3. Metode regresi anak terhadap tetua (*regression of offspring on parent method*)

Estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua dapat dipilih apabila terdapat catatan kinerja anak maupun tetua, Hal ini berbeda dengan metode korelasi saudara tiri seapak dan pola tersarang yang tidak memerlukan catatan kinerja tetuanya, Masing-masing tetua menghasilkan beberapa ekor anak namun pada setiap perkawinan menghasilkan satu anak,

Model statistik

Model statistik pada estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua adalah sebagai berikut:

$$Y_i = \beta X_i + e_i$$

Keterangan:\

Y_i = rata-rata kinerja anak dari tetua ke-i

X_i = kinerja tetua ke-i

e_i = kesalahan (*error*) yang berasosiasi dengan kinerja tetua

Model genetik

Model genetik pada estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan (sire) dan betina (dam) tersapat pada Tabel 16.3.

Tabel 16.3 Model genetik pada estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan dan betina

Sumber	Heterogamet											
									Jantan		Betina	
	V _A	V _D	V _A	V _A	V _D	V _{AA}	V _M	V _E	JJ	BB	JJ	BB
Pejantan	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{4}$	0	0	$\frac{1}{8}$	0	0	0	COV _{J_B}	$\frac{1}{2}$ V _{JB}	COV _{J_B}
Induk	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{4}$	0	0	$\frac{1}{8}$	$\frac{1}{2}$	0	COV _{J_B}	$\frac{1}{2}$ V _{JB}	COV _{J_B}	0

Keterangan: V_A =keragaman genetik aditif, V_D =keragaman genetik dominan, keragaman genetik heterosigot aditif dan dominan, V_{DD} =keragaman genetik homosigot dominan dan dominan, V_{AAA} = keragaman genetik homosigot aditif, aditif, dan aditif, V_M= keragaman maternal, V_E= keragaman lingkungan, JJ= interaksi gamet jantan dengan gamet jantan, BB = interaksi antara gamet betina dengan gamet betina

Berdasarkan Tabel 16.3 diketahui bahwa pejantan merupakan sumber keragaman pada genetik aditif sehingga heritabilitas yang diestimasi dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan akan menghasilkan bias yang rendah. Hal tersebut berbeda dengan estimasi heritabilitas berdasarkan metode regresi anak terhadap induk yang menghasilkan bias yang lebih tinggi karena selain keragaman genetik aditif juga melibatkan keragaman maternal, peragam gamet jantan dan betina, Estimasi heritabilitas sebaiknya diestimasi dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan agar diperoleh nilai heritabilitas yang lebih rendah..

Rumus-rumus perhitungan estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua

a, Rumus untuk menghitung $\sum x^2$, $\sum y^2$, dan $\sum xy$

Kinerja tetua diberi lambang huruf X, kinerja anak diberi lambang huruf Y, Huru x dan y merupakan lambang untuk data kinerja teta dan anak yang sudah dihitung dengan memasukkan faktor koreksi.

$$\sum x^2 = \sum X^2 - FK = \sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}$$

$$\sum y^2 = \sum Y^2 - FK = \sum Y^2 - \frac{(\sum Y)^2}{n}$$

$$\sum xy = \sum XY - FK = \sum XY - \frac{(\sum X)(\sum Y)}{n}$$

Keterangan:

X = data kinerja tetua

Y = data kinerja anak

FK = faktor koreksi

n = jumlah individu yang data kinerjanya digunakan untuk estimasi heritabilitas

Rumus untuk menghitung cov_{xy} adalah:

$$cov_{xy} = \frac{\sum xy}{n - 1}$$

Rumus koefisien regresi (b) anak terhadap tetua adalah:

$$b = \frac{cov_{xy}}{\sigma_x^2} = \frac{\sum xy}{\sum x^2}$$

Rumus heritabilitas (h^2) dengan metode regresi anak terhadap tetua adalah:

$$h^2 = 2b = (2)\left(\frac{\text{COV}_{xy}}{\sigma_x^2}\right) = (2)\left(\frac{\sum xy}{\sum x^2}\right)$$

Rumus salah baku atau *standard of error* dari heritabilitas ($S.E.(h^2)$) adalah:

$$S.E.(h^2) = (2)(S.E.(b))$$

$$S.E.(b) = \sqrt{\frac{s_b^2}{\sum x^2}}$$

$$s_b^2 = \frac{\sum y^2 - \frac{(\sum xy)^2}{n}}{n - 2}$$

Contoh soal:

Heritabilitas bobot sapih kambing Kacang akan diestimasi berdasarkan catatan bobot sapih 17 ekor jantan dan rata-rata anak pejantan tersebut yang datanya terdapat pada Tabel 17.3.

Tabel 17.3 Bobot sapih (kg) kambing Kacang jantan (X) dan anak-anaknya (Y)

No, urutan	Bobot sapih (kg) tetua jantan (X)	Bobot sapih (kg) anak (Y)
1	6	9
2	7	8
3	8	10
4	8	9
5	8	10
6	8	9

7	8	9
8	9	10
9	9	10
10	9	10
11	9	10
12	9	11
13	10	10
14	10	10
15	10	11
16	10	9
17	10	10

Penyelesaian soal:

Kolom tambahan dapat dibuat untuk membantu penghitungan sehingga tabel menjadi seperti pada Tabel 18.3.

Tabel 18.3 Data bobot sapih (kg) tetua jantan (X) dan bobot sapih anak (Y) kambing Kacang, perhitungan X^2 , Y^2 , dan XY

No,urut	X	Y	X^2	Y-	XY
1	6	9	36	81	54
2	7	8	49	64	56
3	8	10	64	100	80
4	8	9	64	81	72
5	8	10	64	100	80
6	8	9	64	81	72
7	8	9	64	81	72
8	9	10	81	100	90

9	9	10	81	100	90
10	9	10	81	100	90
11	9	10	81	100	90
12	9	11	81	121	99
13	10	10	100	100	100
14	10	10	100	100	100
15	10	11	100	121	110
16	10	9	100	81	90
17	10	10	100	100	100
	148	165	1310	1611	1445

Berdasarkan tabel di atas, maka diketahui bahwa:

$$\sum X = 148$$

$$\sum Y = 165$$

$$\sum X^2 = 1310$$

$$\sum Y^2 = 1611$$

$$\sum XY = 1445$$

$$\text{Faktor koreksi (FK) untuk } \sum X^2 = \frac{(\sum X)(\sum X)}{n} = \frac{(148)(148)}{17} = 1288,4706$$

$$\text{Faktor koreksi (FK) untuk } \sum Y^2 = \frac{(\sum Y)(\sum Y)}{n} = \frac{(165)(165)}{17} = 1601,4706$$

$$\text{Faktor koreksi (FK) untuk } \sum XY = \frac{(\sum X)(\sum Y)}{n} = \frac{(148)(165)}{17} = 1436,4706$$

$$\sum x^2 = \sum X^2 - \text{FK} = 1310 - 1288,4706 = 21,5294$$

$$\sum y^2 = \sum Y^2 - FK = 1744 - 1601,4706 = 9,5294$$

$$\sum xy = \sum XY - FK = 1445 - 1436,4706 = 8,5294$$

$$b = \frac{\text{cov}_{xy}}{\sigma_x^2} = \frac{\sum xy}{\sum x^2} = \frac{8,5294}{21,5294} = 0,3962$$

Estimasi heritabilitas bobot sapih dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$h^2 = 2b = 2(0,3962) = 0,7923$$

Salah baku atau *standard of error* dari heritabilitas (S.E.(h²)) adalah:

$$\text{S.E.}(b) = \sqrt{\frac{s_b^2}{\sum x^2}}$$

$$s_b^2 = \frac{\sum y^2 - \frac{(\sum xy)^2}{\sum x^2}}{n - 2} = s_b^2 = \frac{4 - \frac{(8,5294)^2}{21,5294}}{17 - 2} = 0,6089$$

$$\text{S.E.}(b) = \sqrt{\frac{s_b^2}{\sum x^2}} = \sqrt{\frac{0,6089}{21,5294}} = 0,1681$$

Salah baku (S,E,) heritabilitas dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$\text{S.E.}(h^2) = (2)(\text{S.E.}(b)) = (2)(0,1681) = 0,3362$$

Estimasi heritabilitas bobot sapih kambing Kacang = 0,7923 ± 0,3362

Heritabilitas termasuk kelas tinggi dan memiliki bias yang rendah karena nilai S,E, yang dihasilkan lebih rendah daripada heritabilitas.

4. Estimasi heritabilitas melalui percobaan seleksi

Heritabilitas dapat diestimasi melalui percobaan seleksi, Seleksi dilakukan untuk meningkatkan kinerja suatu sifat pada sekelompok ternak, Rata-rata kinerja sifat dari seluruh anggota populasi dalam wilayah yang merupakan lokasi percobaan dihitung sebelum dilakukan seleksi, Rata-rata kinerja suatu sifat dinyatakan dengan $\overline{X_p}$ (= rata-rata fenotip populasi), Setelah dilakukan seleksi dan ditentukan individu-individu yang akan menjadi ternak pengganti, dilakukan penghitungan terhadap rata-rata kinerja ternak terseleksi dan rata-rata tersebut dinyatakan sebagai $\overline{X_s}$ (=rata-rata fenotip ternak terseleksi atau terpilih sebagai ternak pengganti), Selisih antara $\overline{X_s}$ dengan $\overline{X_p}$ dinyatakan sebagai diferensial seleksi, Diferensial seleksi diberi lambang huruf s,

Ternak jantan dan betina terseleksi atau terpilih dikawinkan , Kinerja anak-anaknya diukur dan dihitung rata-ratanya dan dinyatakan sebagai $\overline{X_o}$ (o=*offspring*), Selisih antara rata-rata kinerja anak ($\overline{X_o}$) dengan kinerja tetua terseleksi ($\overline{X_s}$) merupakan respon seleksi yang dinyatakan dengan huruf R, Berdasarkan nilai respon seleksi (R), dan diferensial seleksi (s) dapat dihitung nilai heritabilitas dengan rumus sebagai berikut:

$$h^2 = \frac{R}{s}$$

$s = \overline{X_s} - \overline{X_p}$, sehingga rumus tersebut dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$h^2 = \frac{R}{(\overline{X_s} - \overline{X_p})} = \frac{\overline{X_o} - \overline{X_s}}{(\overline{X_s} - \overline{X_p})}$$

Keterangan:

h^2 = heritabilitas

R = respon seleksi

s = diferensial seleksi

\overline{X}_O = rata-rata kinerja anak

\overline{X}_p = rata-rata kinerja populasi

\overline{X}_S = rata-rata kinerja individu-individu terseleksi

Estimasi heritabilitas melalui seleksi memerlukan waktu yang lebih lama karena menunggu sampai anak-anak dari hasil perkawinan ternak terpilih dapat menampilkan kinerjanya. Nilai heritabilitas diperoleh melalui percobaan seleksi yang lebih nyata daripada melalui analisis statistik berdasarkan *recording* sehingga heritabilitas hasil percobaan seleksi disebut juga dengan *realize heritability*.

Contoh soal:

Seleksi dilakukan pada populasi kambing PE untuk meningkatkan bobot setahunan. Rata-rata bobot setahunan populasi 24,40 kg. Seleksi berhasil memilih ternak -ternak pengganti yang rata-rata bobot setahunannya 28,24 kg. Perkawinan kambing jantan dan betina menghasilkan keturunan dengan rata-rata bobot setahunan 30,44 kg. Hitunglah estimasi heritabilitas bobot setahunan kambing PE dengan menggunakan data-data tersebut!

Penyelesaian:

Rata-rata bobot setahunan populasi = $\overline{X}_p = 24,40$ kg,

Rata-rata bobot setahunan individu-individu terseleksi = $\overline{X}_S = 28,24$ kg

Diferensial seleksi = $s = \overline{X}_S - \overline{X}_p = 28,24 \text{ kg} - 24,40 \text{ kg} = 3,84$ kg

Rata-rata bobot setahunan anak-anaknya = $\overline{X}_O = 30,44$ kg

Respon seleksi = $R = \overline{X}_O - \overline{X}_S = 30,44 \text{ kg} - 28,24 \text{ kg} = 2,24$ kg

Estimasi heritabilitas (h^2) = $\frac{R}{s} = \frac{2,24}{3,84} = 0,5729$

Hasil estimasi heritabilitas bobot setahunan kambing PE termasuk kelas tinggi.

F. Hasil-hasil Penelitian tentang Estimasi Heritabilitas

Syahputra *et al.* (2013) melaporkan hasil penelitiannya pada kambing Peranakan Etawah (PE) bahwa nilai heritabilitas bobot sapih kambing PE yang diestimasi dengan metode korelasi saudara tiri seapak $0,135 \pm 0,010$. Hasil penelitian tersebut tergolong dalam kategori sedang (Dalton, 1980) dan sesuai dengan hasil penelitian Kurnia (2006) pada kambing PE di Kecamatan Gisting, Kabupaten Tanggamus (0,19 0,016), sedangkan Nugraha (2007) melaporkan hasil penelitiannya pada bobot sapih kambing Boerawa sebesar 0,34 0,086.

Hasil penelitian Sulastri *et al.* (2012) pada kambing Rambon menunjukkan estimasi heritabilitas kambing Rambon pada sifat lahir, sapih, dan umur setahun yang diestimasi dengan metode korelasi saudara tiri seapak seperti terdapat pada Tabel 19.3

Tabel 19.3 Estimasi heritabilitas performa pertumbuhan kambing Rambon

Sifat	Saat lahir	Sapih	Umur satu tahun
a. Berat badan	0,14±0,07	0,22±0,08	0,23±0,07
b. Tinggi badan	0,13±0,03	0,23±0,00	0,24±0,08
c. Panjang badan	0,16±0,01	0,21±0,07	0,21±0,05
d. Lingkar dada	0,15±0,06	0,22±0,02	0,22±0,02
e. Tinggi pinggul	0,15±0,02	0,23±0,14	0,23±0,05
f. Panjang telinga	0,10±0,03	0,11±0,00	0,11±0,02
g. Lebar telinga	0,11±0,05	0,12±0,02	0,12±0,03

Sumber: Sulastri *et al.* (2012)

Tabel. Estimasi heritabilitas performa pertumbuhan kambing Peranakan Etawah

Sifat	Metode regresi induk-anak	Korelasi saudara tiri sebakak
Bobot lahir	0,30 ± 0,37	0,11 ± 0,08
Bobot sapih	0,32 ± 0,29	0,31 ± 0,20
Bobot umur satu tahun	0,65 ± 0,47	0,62 ± 0,38
Pertumbuhan sebelum sapih	0,55 ± 0,34	0,30 ± 0,27
Pertumbuhan setelah sapih	0,54 ± 0,65	0,45 ± 0,32

Sumber: Sulastri *et al.* (2002)

Zhang *et al.* (2009) meneliti dengan menggunakan data 5.641 catatan bobot badan diperoleh dari 1.520 ekor cembe Boer .Cempe-cempe tersebut lahir dari Januari 2002 sampai Januari 2007 Catatan tersebut meliputi 1.520 catatan bobot lahir (BL), 1.380 catatan bobot sapih umur 90 hari (BB90), dan rata-rata pertambahan bobot badan harian (PBBH) dari lahir sampai umur 90 hari (PBBH prasapih), 487 catatan bobot badan umur 300 hari (BB300) dan rata-rata pertambahan bobot badan harian dari lahir sampai umur 300 hari (PBBH0-300), 378 catatan pertambahan bobot badan harian dari umur 90 hari sampai 300 hari (PBBH90-300). *Pedigree* atau silsilah diperoleh dari 2.444 ekor kambing yang merupakan hasil perkawinan 129 pejantan dan 552 ekor induk.

Bobot lahir (BL) dicatat 24 jam setelah lahir. Bobot badan mendekati umur 90 hari dan 300 hari disesuaikan terhadap bobot badan umur 90 hari (BB90) dan 300 hari (BB300) dengan menggunakan metode rutin sesuai dengan penjelasan Chen (1999). Rata-rata pertambahan bobot badan harian dihitung berdasarkan penyesuaian terhadap pertambahan bobot badan harian dari lahir sampai umur 90 hari (PBBH prasapih), dari lahir sampai umur 300 hari (PBBH0-300), dan dari umur 90 hari sampai 300 hari (PBBH90-300) .

Zhang *et al.* (2009) menggunakan 4 model dalam melakukan estimasi heritabilitas sifat pertumbuhan kambing Boer dengan memasukkan atau mengeluarkan faktor-faktor tertentu. . Faktor-faktor yang memengaruhi paritas (jumlah beranak dikelompokkan dari 1 – 5 dan 6), dan=6), *litter size* (LS, jumlah anak per kelahiran) (1, 2 dan =3), tahun kelahiran (2002–2007) dan musim (dalam empat musim berdasarkan suplemen rumput hijau dan iklim sebagai berikut: musim semi pada Maret sampai April, musim panas pada Mei sampai September, musim gugur dari Oktober sampai November, musim dingin dari Desember sampai Februari), jenis kelamin (jantan dan betina). Interaksi antara bobot badan dan pertumbuhan dianalisis menggunakan prosedur PROC GLM procedure (SAS 8.1). Faktor-faktor yang memengaruhi catatan disesuaikan ke dalam *animal models* untuk mengestimasi parameter genetik.

Least-squares means (LSM) dan *standard errors* (SE) untuk sifat pertumbuhan pada masing-masing level, *fixed factors* dianalisis dengan prosedur PROC GLM procedure (SAS8.1). Parameter genetik diperoleh dari data yang disusun melalui *derivative free restricted Maximum likelihood procedure* (DFREML). Sifat tunggal animal model disesuaikan terhadap seluruh sifat untuk mencapai komponen keragaman dan estimasi heritabilitas. Model yang digunakan ada empat dengan mengeluarkan dan memasukkan genetik maternal atau maternal permanen , pengaruh lingkungan. Rumus keempat model tersebut sebagai berikut:

$$y = X_b + Z_a a + e \dots \dots (1)$$

$$y = X_b + Z_a a + Z_c c + e \dots \dots (2)$$

$$y = X_b + Z_a a + Z_m m + e \dots \dots (3)$$

$$y = X_b + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \dots \dots (3)$$

Huruf y adalah vektor $n \times 1$ pengamatan, b adalah *fixed effect* dengan asosiasi matriks X , a merupakan suatu vektor efek genetik langsung dengan asosiasi matriks Z_a , m merupakan vektor efek genetik maternal dengan asosiasi matriks Z_m , c adalah vektor *permanent maternal environmental effects* (efek lingkungan maternal permanen) dengan asosiasi matriks Z_c , e adalah vektor efek sisa (error).

Efek seleksi untuk keempat model dilakukan berdasarkan *likelihood ratio tests* untuk masing-masing sifat. Suatu efek (*maternal genetic effect or permanent maternal genetic effect*) dipertimbangkan memiliki dampak tertentu pada saat hasilnya menyebabkan peningkatan nilai $\log(L)$ secara nyata. Nilai tersebut dibandingkan dengan model yang diabaikan. Pada saat perbedaan dua kali antara nilai $\log L$ lebih besar daripada nilai kritis *likelihood ratio tests*, maka efek tersebut disimpulkan memiliki level signifikansi 0,05 untuk seluruh sifat.

Hasil penelitian Zhang *et al.* (2009) menunjukkan bahwa paritas induk berpengaruh terhadap BL and BB90 ($P < 0,01$) tetapi tidak nyata terhadap sifat pertumbuhan berikutnya. *Least-squares means* BL0 dan BB90 meningkat dengan meningkatnya paritas dari 1 sampai 5 dan selanjutnya menurun pada paritas berikutnya tetapi sebaliknya dengan BW300. Nilai PBBH0-90, PBBH0-300, dan PBBH90-300 bervariasi pada paritas yang berbeda. Seluruh sifat pertumbuhan dipengaruhi oleh tahun kelahiran ($P < 0,01$). Musim kelahiran memengaruhi BL ($P < 0,01$) seperti halnya memengaruhi PBBH0-300, PBBH90-300 ($P < 0,05$). Nilai BL, BB90, dan PBBH 0-90 cempe yang lahir pada Desember sampai Februari tahun berikutnya ternyata paling besar. Cempe yang lahir pada Maret sampai April memiliki BL, BB90, dan PBBH0-90 yang sama dengan yang lahir pada Oktober sampai November.

Cempe yang lahir pada Maret sampai April memiliki nilai terendah dalam BL, BB90, dan PBBH0-90, dan nilai tertinggi pada BB300, PBBH0-300, dan PBBH90-300. *Litter size* memiliki pengaruh nyata ($P < 0,01$) terhadap BB, BB90, dan PBBH0-90, dan nilainya menurun dengan meningkatnya LS. Nilai BB300, PBBH0-300, dan PBBH90-300 pada cempe dengan LS tunggal lebih besar daripada LS 2 maupun 3.

Cempe jantan selalu lebih tinggi daripada betina. Estimasi heritabilitas sifat pertumbuhan kambing Boer dengan 4 model terdapat pada Tabel 20.3.

Tabel 20.3 Estimasi parameter genetik BL, BB90, dan PBBH kambing Boer dengan menggunakan empat model

Sifat yang diestimasi	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4
BL	0,30 ± 0,06	0,08 ± 0,04	0,17 ± 0,06	0,17 ± 0,07
BB90	0,23 ± 0,06	0,09 ± 0,04	0,22 ± 0,08	0,22 ± 0,08
BBH 0-90	0,22 ± 0,05	0,07 ± 0,07	0,29 ± 0,10	0,27 ± 0,10
B300	0,33 ± 0,12	0,10 ± 0,08	0,54 ± 0,22	0,57 ± 0,19
PBBH 0-300	0,30 ± 0,12	0,29 ± 0,13	0,82 ± 0,17	0,66 ± 0,22
PBBH90-300	0,22 ± 0,12	0,08 ± 0,10	0,10 ± 0,10	0,02 ± 0,06

Sumber: Zhang *et al.* (2009)

Heritabilitas bobot lahir yang diestimasi dengan model 1, 2, 3, dan 4 masing-masing $0,30 \pm 0,06$; $0,08 \pm 0,04$; $0,17 \pm 0,06$; $0,17 \pm 0,07$. Parameter genetik sifat pertumbuhan prasapah untuk pengaruh aditif, maternal, dan lingkungan maternal permanen pada BL, BS, dan PBBH prasapah hasil estimasi dengan keempat model memperoleh hasil yang bervariasi. Estimasi heritabilitas langsung paling besar pada model 1 (mengeluarkan seluruh efek maternal), dan terendah pada model 2 (mengeluarkan efek genetik maternal), model 3 (mengeluarkan efek lingkungan maternal permanen) sama dengan model 4 (memasukkan seluruh efek). Model 1 (mengabaikan efek maternal) menghasilkan heritabilitas Bl dan BB90 lebih tinggi daripada model lain. Penyesuaian terhadap efek maternal (model 4) meningkatkan Log(L), menurunkan nilai heritabilitas, dan menghasilkan estimasi efek genetik maternal lebih akurat daripada model 3. Berdasarkan logaritma fungsi *likelihood*,

penyesuaian model 4 menghasilkan nilai heritabilitas yang lebih baik ($P < 0,05$) dibandingkan dengan model lain.

Estimasi heritabilitas PBBH0-90 dengan melibatkan efek lingkungan maternal permanen (model 2) meningkatkan estimasi genetik aditif langsung dan model yang diuji bertentangan dengan nilai $\text{Log}(L)$. Oleh karena itu, model 2 menghasilkan nilai parameter genetik PBBH prasapah yang lebih baik. Estimasi korelasi antara efek genetik langsung dan maternal untuk BL dan BS negatif tinggi dan berkisar dari $-0,74$ sampai $-0,86$. Estimasi korelasi antara efek genetik langsung dan maternal pada BL bernilai negatif lebih tinggi tetapi sebaliknya dengan BB90 dan PBBH prasapah apabila efek lingkungan maternal permanen dimasukkan (model 4).

Estimasi heritabilitas genetik langsung untuk BB300 dan PBBH0-300 berkisar dari $0,10$ sampai $0,57$ dan antarmodel berkisar dari $0,29$ sampai $0,82$ (Tabel 21.3). Nilai heritabilitas terendah diperoleh melalui model 2 (memasukkan efek lingkungan maternal permanen). Peningkatan efek genetik langsung aditif terjadi dengan memasukkan efek genetik maternal (model 3 dan 4) dan mengabaikan efek lingkungan maternal permanen (model 1) yang menghasilkan estimasi heritabilitas yang lebih tinggi. Model 2 dapat meningkatkan nilai $\text{Log}(L)$ ($P < 0,05$) dan meningkatkan keakuratan nilai heritabilitas BB300. Nilai $\text{Log}(L)$ tidak mengalami peningkatan dengan memasukkan efek lingkungan maternal permanen khusus pada {PBBH0-300}.

Estimasi heritabilitas genetik langsung aditif PBBH90-300 berkisar dari $0,02$ sampai $0,22$ untuk keempat model. Estimasi heritabilitas sifat tersebut dengan mengabaikan efek maternal (model 1) dan memasukkan efek maternal (model 4) menghasilkan estimasi heritabilitas yang lebih rendah. Estimasi heritabilitas genetik langsung aditif pada model 2 ($0,08$) dengan mengeluarkan efek genetik maternal sama dengan model 3 ($0,10$) dengan mengeluarkan efek lingkungan maternal permanen. Model 2 dapat meningkatkan nilai $\text{Log}(L)$. Model 2 merupakan model yang optimum untuk estimasi parameter genetik pada PBBH90-300 kambing Boer.

Thiruvenkadan (2009) melaporkan metode penelitiannya dengan mengamati data bobot badan 566 kambing Tellicherry yang dipelihara di Mecheri Sheep Research Station Pottaneri, Tamil Nadu, India selama 20 tahun (1988 - 2007). Bobot badan pada umur yang berbeda (bobot lahir, bobot umur 3 bulan, 6 bulan, 9 bulan, dan 12 bulan) dicatat. Pertambahan bobot badan harian prasapah (PBBH prasapah) dan PBBH pascasapah diestimasi. Data dikelompokkan berdasarkan periode, musim, paritas induk, tipe lahir dan jenis kelamin cempe. Tahun kelahiran dibagi kedalam 5 periode. Data dianalisis menggunakan *mixed-model leastsquares*. Komponen keragaman diestimasi melalui penyesuaian *univariate animal models* menggunakan algoritma REML.

Analisis keragaman menunjukkan bahwa PBBH prasapah dipengaruhi oleh periode, musim, tipe kelahiran, jenis kelamin, dan paritas. Pertumbuhan pascasapah dipengaruhi oleh periode ($P < 0,01$) dan musim ($P < 0,05$) tetapi faktor lain tidak berpengaruh ($P > 0,05$). Pertumbuhan prasapah dan pascasapah diamati selama tiga periode (1996 - 1999). Perbedaan peningkatan bobot badan harian cempe yang lahir dalam tipe tunggal dan lebih dari satu 8,97 g sampai sapah dan 1,20 g sampai umur 12 bulan, tetapi tidak nyata ($P > 0,05$).

Heritabilitas bobot badan meningkat seiring dengan meningkatnya umur dari lahir sampai 6 bulan dan selanjutnya menurun. Heritabilitas bobot lahir rendah ($0,062 \pm 0,069$) dan semakin meningkat seiring dengan meningkatnya umur. Heritabilitas bobot lahir yang rendah disebabkan oleh level nutrisi yang rendah yang dikonsumsi induk kambing dan keragaman lingkungan yang tinggi. Peningkatan heritabilitas bobot badan pada tahap setelah lahir menunjukkan bahwa faktor lingkungan berpengaruh lebih besar terhadap bobot lahir daripada bobot badan setelah lahir. Heritabilitas pertumbuhan prasapah $0,285 \pm 0,118$ dan pascasapah $0,385 \pm 0,165$. Estimasi efisiensi pertumbuhan prasapah dan pascasapah masing-masing $0,224 \pm 0,100$ dan $0,246 \pm 0,201$.

Tabel 21.3 Estimasi heritabilitas sifat-sifat pertumbuhan kambing Tellicherry

Sifat	Jumlah data	Heritabilitas
Bobot lahir	0,062 ± 0,069	566
Bobot umur 3 bulan	0,344 ± 0,163	485
Bobot umur 6 bulan	0,369 ± 0,158	411
Bobot umur 9 bulan	0,298 ± 0,114	358
Bobot umur 12 bulan	0,227 ± 0,110	304

Periode dan musim kelahiran, tipe kelahiran dan jenis kelamin merupakan faktor besar yang memengaruhi pertumbuhan kambing Tellicherry. Pengaruh bulan kelahiran menunjukkan bahwa perencanaan musim kelahiran dapat meningkatkan efisiensi produksi. Heritabilitas menunjukkan bahwa seleksi bobot badan dan pertambahan bobot badan harian dapat ditingkatkan melalui seleksi berdasar sifat pascasapih terutama bobot badan umur 6 bulan (Thiruvankadan, 2009).

Lee *et al.* (2015) menggunakan 2.511 catatan sifat reproduksi babi Berkshire yang lahir dari 2007 sampai 2013 di *Dasan Pig Breeding Farm* (Namwon, Korea). Catatan tersebut terdiri dari jumlah total babi yang lahir (*number of piglets born*) atau TNB dan jumlah babi yang lahir dan hidup (*numbers of piglets born alive*) atau NBA dari 781 induk babi yang digunakan dan 53 ekor pejantan. Rata-rata paritas induk babi 3,27 and maksimum paritas induk babi 10. Silsilah disusun dari 7 generasi.

Data untuk karkas dan kualitas daging dikoleksi dari 1.953 ekor babi yang di potong di abattoir babi di Namwon. Sebanyak 12 sifat diamati meliputi (1) bobot karkas atau *carcass weight* (CW), (2) tebal lemak punggung atau *backfat thickness* (BF), (3) nilai pH setelah 45 menit (pH45m), (4) nilai pH setelah 24 jam (pH24h), (5) kecerahan warna daging atau *lightness in meat color* (LMC), (6) warna kemerahan dari warna daging atau *redness in meat color* (RMC), (7) kekuningan dari warna daging atau *yellowness in meat color* (YMC), (8) kapasitas

menahan uap air atau *moisture holding capacity* (MHC), (9) *drip loss* (DL), (10) susut masak atau *cooking loss* (CL), (11) kadar lemak atau *fat content* (FC), and (12) nilai gaya geser atau *shear force value* (SH).

Dilaporkan oleh Lee *et al.* (2015) bahwa bobot karkas atau CW (kg) and BF (mm) diukur di bagian loin (*Longissimus dorsi*, LD) bagian kiri pada kondisi karkas dingin guna menentukan parameter kualitas daging. Nilai pH_{45m} dan pH_{24h} diukur dari waktu penyembelihan setelah menyisipkan pH meter (*Orion 2 Star*, Thermo Scientific, Waltham, MA, USA) secara langsung ke dalam otot. Nilai warna daging diukur menggunakan *colorimeter* (CR-410, Minolta Co., Osaka, Japan) yang dikalibrasi terhadap *white reference tile plate* ($L^* = 89.2$, $a^* = 0.921$, $b^* = 0.783$). Nilai warna untuk L^* (*lightness*, LMC), a^* (*redness*, RMC), dan b^* (*yellowness*, YMC) diperoleh dari potongan loin bagian dalam setelah 30 menit ditempatkan di dalam ruang suhu. *Centrifugation* digunakan untuk mengukur MHC. Cacahan sampel daging (5 g) ditempatkan di dalam tabung sentrifus dengan kertas saring (No. 4, *Whatman International Ltd.*, Maidston, UK), dan disentrifus pada $3.000 \times g$ selama 10 menit. Nilai susut bobot dari standar sampel daging ($3 \times 3 \times 3$ cm) ditempatkan pada *sealed petri-dish* pada suhu 4°C setelah penyimpanan 48 jam. Pengukuran CL, persentase susut bobot dari sampel standar ($3 \times 3 \times 3$ cm) setelah sampel dimasak dalam panggangan listrik dengan dobel panci (Nova EMG-533, 1400 W) dan setelah melakukan penginstalan penganalisis tekstur (TA-XT2, *Stable Micro System Ltd.*, Godalming, UK) dengan pisau *Warner-Bratzler*, SH diukur dengan memotong serabut otot pada sudut kanan. Kecepatan uji dan pra uji diatur pada 2,0 mm/s dan kecepatan postes diatur pada 5.0 mm/s.

Animal models (1 dan 2) yang digunakan untuk estimasi parameter genetik dan nilai pemuliaan harapan atau *expected breeding values* (EBVs) adalah: $y_{ijklm} = \mu + f_i + l_j + b_k + a_l + p_l + e_{ijklm}$

Keterangan: y_{ijklm} = sifat reproduksi, μ = mean, f_i = *fixed effect* dari kelahiran babi pada tahun-bulan-minggu ke= i ($i = 1, 2, \dots, 276$), l_j = *fixed effect* dari paritas ke= j ($j = 1, 2, \dots$, lebih dari 8), b_k = *random effect* dari

pejantan ke-k ($k = 1, 2, \dots, 53$), a_i = efek hgenetik aditif acak dari ternak ke-l ($l = 1, 2, \dots, 994$), p_l = efek lingkungan permanen ternak individual ($l = 1, 2, \dots, 781$), dan e_{ijklm} = efek random sisa.

$$y_{ijkl} = \mu + s_i + m_j + a_k + e_{ijkl}$$

(Keterangan: y_{ijkl} = sifat kualitas karkas dan daging, μ = mean, s_i = *fixed effect* jenis kelamin ke-i ($i = 1, 2$), m_j = *fixed effect* kelahiran tahun-bulan ke-j ($j = 1, 2, \dots, 37$), a_k = efek genetik aditif random ternak ke- k ($k = 1, 2, \dots, 2,487$) dan e_{ijkl} = efek random sisa. $\text{Var}(a) = A \otimes \sigma_a^2$, $\text{Var}(pe) = I \otimes \sigma_{pe}^2$, dan $\text{Var}(e) = I \otimes \sigma_e^2$, A = matriks hubungan numerator dan I = matriks identitas. Analisis statistik dasar ditampilkan menggunakan SAS ver. 9.2 (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA) dan parameter genetik serta EBV untuk sifat-sifat diestimasi menggunakan VCE ver. 6.0 (Institute of Farm Animal Genetics, Friedrich Loeffler Institute, Neustadt, Germany) dan program PEST (Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour, Federal Agricultural Research Centre, Neustadt, Germany). Korelasi genetik antara sifat reproduksi dan kualitas daging diestimasi menggunakan EBV babi betina dengan catatan kualitas karkas dan daging dari anak (progeny) babi betina (Lee et al., 2015).

Data dasar untuk sifat-sifat ekonomis babi Berkshire meliputi reproduksi, kualitas karkas, dan kualitas daging. Mean untuk TNB $8,65 \pm 2,95$ dan NBA $7,65 \pm 2,58$. Mean untuk CW dan BF masing-masing $86,62 \pm 5,67$ kg dan $25,11 \pm 5,23$ mm. Mean untuk pH45m dan pH24h yang merupakan kriteria *cadaveric metabolic rate* masing-masing $6,06 \pm 0,29$ dan $5,78 \pm 0,22$. Mean untuk LMC, RMC, dan YMC yang merupakan indikator evaluasi daging abnormal adalah $49,05 \pm 3,18$, $8,47 \pm 4,34$, dan $3,59 \pm 1,48$. Mean untuk MHC, DL, CL, dan FC adalah $57,90 \pm 11,10\%$, $4,14 \pm 2,07\%$, $23,80 \pm 6,00\%$, dan $2,64 \pm 1,06\%$, dan SH yang merupakan indikator *tenderness* adalah $2,82 \pm 0,76$ kg. Distribusi pH45m dan CL dipertimbangkan sebagai sifat paling penting untuk peningkatan mutu genetik di *Dasan Pig Breeding Farm*. Nilai pH24h terdistribusi normal tetapi CL tidak normal ($p < 0,01$) yang dianalisis melalui *Shapiro Wilk test* (SAS) (Lee et al., 2015).

Estimasi heritabilitas untuk TNB dan NBA pada babi Berkshire 0,07 dan 0,06, hampir sama dengan heritabilitas TNB babi Landrace (0,08) dan Yorkshire (0,05) yang dilaporkan Su et al. (2007), yang dilaporkan Chen et al (2003) yaitu heritabilitas TNB pada Landrace (0,08), Yorkshire (0,10), dan Duroc (0,09). Heritabilitas litter size lebih rendah walaupun dipengaruhi oleh perbaikan genetik dalam populasi. Reritabilitas untuk TNB 0,16 dan NBA 0,18, efek pejantan diestimasi 1% dari total keragaman yang lebih rendah daripada keragaman yang dilaporkan Woodward et al. (1993), korelasi genetik antara TNB dan NBA sangat tinggi (0,988).

Komponen genetik aditif (σ^2_a), lingkungan permanen (σ^2_{pe}), babi jantan atau boar (σ^2_b), dan komponen keragaman error (σ^2_e), heritabilitas (h^2), dan salah baku atau *standard errors* (SE), reritabilitas, dan korelasi fenotipik serta genetik untuk sifat reproduksi hasil penelitian Lee et al. (2015) terdapat pada Tabel 22.3.

Tabel 22.3 Komponen genetik heritabilitas, reritabilitas, dan korelasi fenotipik sifat reproduksi hasil penelitian Lee et al. (2015)

Traits	σ^2_a	σ^2_{pe}	σ^2_b	σ^2_e	$h^2 \pm SE$	r	(1) TNB	(2) NBA
(1) TNB	0.61	0.75	0.05	7.11	0.07±0.03	0.16		0.916 ^a
(2) NBA	0.44	0.70	0.04	5.31	0.06±0.03	0.18	0.988 ^b	

Keterangan: TBN= total jumlah anak babi lahir; NBA= jumlah anak babi lahir dan hidup, ^aFenotipik, ^bKorelasi genetik

Heritabilitas untuk sifat karkas dan kualitas daging terdapat pada Tabel 23.3. Estimasi heritabilitas untuk CW dan BF masing-masing 0,37 dan 0,57 sedangkan Tomiyama et al. (2011) melaporkan heritabilitas BF 0,54 dan CW 0,32 pada populasi babi Berkshire (n = 4.773).

Komponen keragaman genetik aditif (σ^2_a), keragaman eror (σ^2_e), dan heritabilitas (h^2) serta salah baku (SE) untuk karkas dan kualitas daging hasil penelitian Lee *et al.* (2015) terdapat pada Tabel 24.3.

Tabel 24.3 Komponen keragaman genetik untuk karkas dan kualitas daging hasil penelitian Lee *et al.* (2015)

Sifat	σ^2_a	σ^2_e	$h^2 \pm SE$
Bobot karkas	11,20	18,76	0,37±0,07
Ketebalan lemak punggung	15,94	12,09	0,57±0,06
Nilai pH setelah 45 menit	0,03	0,04	0,48±0,06
Nilai pH setelah 24 jam	0,01	0,05	0,15±0,05
Kecerahan warna daging	2,05	8,49	0,19±0,05
Kemerahan warna daging	0,41	0,71	0,36±0,06
Kekuningan warna daging	0,29	0,73	0,28±0,06
Kemampuan mengikat daging	23,10	87,75	0,21±0,09
Drip loss	1,10	2,22	0,33±0,06
Susut masak	6,69	8,29	0,45±0,06
Kadar lemak	0,45	0,61	0,43±0,06
Nilai kekuatan geser	0,19	0,30	0,39±0,07

Heritabilitas pH45m dan pH24h yang merupakan kriteria tingkat metabolic *cadaveric* masing-masing 0,48 dan 0,15. Heritabilitas menurun tajam karena waktu pengukuran dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti halnya suhu dan manajemen penyimpanan. Nilai pH45m dan pH24h merupakan standar evaluasi kualitas otot yang sangat penting untuk peningkatan kualitas daging. Heritabilitas LMC

0,19 tersebut lebih rendah daripada yang dilaporkan Sellier (1998) yaitu 0,28 maupun Gaya *et al.* (2006) yaitu 0,29. Estimasi heritabilitas RMC (0,36) dan YMC (0,28) (Lee *et al.*, 2015) lebih tinggi daripada Gaya *et al.* (2006). Estimasi heritabilitas MHC (0,21), DL (0,33), dan CL (0,45) (Lee *et al.*, 2015), DL 0,23 (Hermesch *et al.*, 2000), 0,25 (Gaya *et al.*, 2006). Estimasi heritabilitas MHC dan CL berkisar dari 0,0 sampai 0,63 (Hovenier *et al.*, 1993), 0,0 sampai 0,51 (Sellier, 1998). Heritabilitas FC 0,43 (Lee *et al.*, 2015), 0,42 (Knapp *et al.*, 1997), 0,44 (Larzul *et al.*, 1997), 0,35 (Hermesch *et al.*, 2000). Heritabilitas SH 0,39 (Lee *et al.*, 2015), lebih rendah daripada 0,22 (Gaya *et al.*, 2006). Perbedaan nilai heritabilitas untuk sifat yang sama disebabkan oleh model, pengukuran, ukuran data yang digunakan dalam analisis (Lee *et al.*, 2015).

Ayasrah *et al.* (2013) menggunakan data produksi susu setiap laktasi laktasi periode dari 2002 sampai 2010 yang terdiri dari 7.700 hari pengamatan (1.540 catatan). Data silsilah, tanggal lahir individu, tanggal beranak, tipe kelahiran, jenis kelamin cempes yang dilahirkan diperoleh dari *recording* di stasiun penelitian Walla milik Kementerian Pertanian Jordania. Ternak kambing dipelihara secara semiintensif. Kambing diberi kesempatan merumput selama 4 jam pada pagi hari dan 3 jam pada siang hari. Musim kawin (*breeding*) dimulai Juli dan berakhir pada Oktober sehingga beranak dimulai Oktober dan berakhir pada Maret setiap tahun. Pola beranak yang diamati dibagi kedalam musim tertentu (Januari sampai Februari dan Oktober sampai Desember). Cempes diberi identifikasi melalui *ear tag* sesaat setelah lahir, ditimbang dan dicatat bobot lahirnya. Cempes menyusu induknya selama 75 – 90 hari. Cempes dikelompokkan berdasarkan jenis kelamin dan dilengkapi dengan ransum harian 0,25 – 0,35 kg.

Regresi nonlinier digunakan oleh Ayasrah *et al.* (2013) untuk estimasi parameter kurva laktasi dengan menggunakan model Wood (Wood, 1967) sebagai berikut:

$$Y_n = a n^b e^{-cn}$$

Keterangan: Y_n = total produksi susu (kg) pada laktasi minggu ke- n ; a = produksi susu awal (kg); b = the peningkatan produksi susu sampai

puncak produksi (kg/minggu) selama fase peningkatan produksi susu; c = penurunan produksi susu selama fase penurunan produksi; n = waktu dalam minggu; e = dasar logaritma alami. Konstanta a, b, dan c dihitung setiap laktasi melalui metode kuadrat terkecil (*least squares method*).

Ayasrah *et al.* (2013) melakukan karakteristik kurva laktasi seperti halnya produksi susu puncak (kg) dihitung menggunakan rumus Ali and Schaeffer (1987) sebagai berikut:

$$PMY = a (b/c)^b e^{-b},$$

Minggu produksi puncak (PW) dihitung sebagai $PW = b/c$.

Persistensi laktasi yang dirumuskan dengan $PS = -(b+1) \log(e c)$ diestimasi untuk setiap kelompok periode laktasi menurut Wood (1967).

Ayasrah *et al.* (2013) menganalisis data menggunakan prosedur *general linear model* (GLM) dari Statistical Analysis System (SAS, 2009) untuk estimasi *fixed effects* paritas, musim, dan tahun beranak, bulan beranak, tipe beranak, dan interaksi antara paritas dan bulan beranak terhadap parameter kurva laktasi yang diamati.

Model statistik yang digunakan sebagai berikut:

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + L_j + M_k + P_l + P_{Mik} + e_{ijklm}$$

Keterangan:

Y_{ijklm} = pengamatan pada catatan ke-m dari tahun beranak ke-i, tipe kelahiran ke-j, bulan kelahiran ke-k, paritas ke-l;

μ = mean produksi susu

A_i = pengaruh tahun kelahiran ke-I, i = 2002, 2003,.....2010;

L_j = pengaruh tipe kelahiran ke-j, j = 1, 2, dan 3 untuk kelahiran tunggal, kembar 2, kembar tiga;

M_k = pengaruh bulan kelahiran ke-k, k = 1 5 for Januari, Februari, Oktober, November, dan Desember;

P_l = pengaruh paritas ke-l, 1,2,... \geq 5

P_{Mik} = interaksi antara paritas dan bulan kelahiran;

e_{ijklm} = pengaruh *random error* yang berkaitan dengan ke-m

Komponen *variance* dan *covariance* untuk kurva laktasi diestimasi oleh Ayasrah et al. (2013) dengan analisis multisifat menggunakan metode *restricted maximum likelihood* yang diimplementasikan dalam VCE (Groeneveld et al., 2008). Model tersebut diasumsikan dengan rumus sebagai berikut:

$$Y = X\beta + Za + Zc + e,$$

Keterangan:

- Y = vektor pengamatan;
- X = matriks insiden yang menghubungkan data dengan vector fixed effects;
- β = vektor mean dan *fixed effects* tahun kelahiran, paritas, bulan kelahiran, dan tipe kelahiran;
- Z = matriks insiden dari *random effects*;
- a = vektor *random effect* (efek genetik aditif ternak) yang berkaitan dengan matriks insiden Z
- c = vektor pengaruh lingkungan permanen.
- E = vektor *random effect errors* normal dan bebas yang terdistribusi (0, s^2e).

Mean produksi susu awal yang diperoleh dari 1.540 catatan seluruh kambing $1,12 \pm 0,002$ kg. Hasil analisis *mean square* produksi susu awal menunjukkan bahwa paritas sangat berpengaruh terhadap produksi susu awal ($p < 0,01$). Produksi susu awal tidak mengalami peningkatan seiring dengan meningkatnya paritas dari pertama sampai keempat. Nilai "a" terendah dicapai pada paritas kedua ($1,06 \pm 0,002$ kg) dan tertinggi pada paritas kelima ($1,21 \pm 0,002$ kg). Hasil analisis menunjukkan bahwa produksi susu kambing Damascus termasuk kelas sedang (Ayasrah et al., 2013).

Produksi susu awal tertinggi dicapai pada Februari dan nilai "a" terendah dicapai pada November. Bulan kelahiran tidak berpengaruh

terhadap produksi susu awal ($p > 0,05$) . Tahun kelahiran berpengaruh ($p < 0,0001$) terhadap produksi susu awal . Induk kambing yang melahirkan cempem tipe tunggal dan kembar dua menunjukkan produksi susu awal yang lebih tinggi daripada induk yang melahirkan cempem tipe kembar tiga. Interaksi antara paritas dan bulan kelahiran berpengaruh terhadap produksi susu awal ($p < 0,01$).

Produksi susu menunjukkan peningkatan selama tahap peningkatan produksi susu (parameter b) sebanyak $0,35 \pm 0,0003$ kg. Hasil tersebut menunjukkan bahwa penurunan bertahap terjadi seiring dengan meningkatnya paritas. Hal tersebut berarti bahwa induk kambing yang lebih tua memerlukan periode yang lebih panjang untuk mencapai puncak produksi dibandingkan induk yang lebih muda.

Hasil analisis terhadap *mean square* menunjukkan bahwa paritas memiliki pengaruh nyata terhadap peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi. Nilai "a" pada paritas pertama ($0,38 \pm 0,0001$ kg) dan terendah pada paritas kelima ($0,33 \pm 0,0003$ kg). Peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi lebih lambat pada induk-induk yang melahirkan pada November dan Desember dibandingkan Oktober dan Februari.

Tahun kelahiran berpengaruh terhadap peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi susu. Tipe kelahiran tidak berpengaruh terhadap peningkatan produksi susu. Penurunan produksi susu setelah mencapai puncak (parameter c) $0,08 \pm 0,00$. Hal tersebut menunjukkan bahwa tingkat penurunan produksi susu mengalami penurunan dengan meningkatnya laktasi. Tingkat penurunan tersebut lebih tinggi pada paritas keempat dan kelima dibandingkan paritas lainnya (Ayasrah et al., 2013).

Paritas berpengaruh terhadap tingkat penurunan produksi susu. Bulan kelahiran tidak berpengaruh ($p > 0,05$) terhadap penurunan produksi susu. Tahun kelahiran berpengaruh terhadap penurunan produksi susu. Hal ini disebabkan oleh keragaman ketersediaan pakan pada setiap tahun (Ayasrah et al., 2013).

Kecenderungan yang umum terjadi adalah peningkatan tingkat penurunan produksi susu seiring dengan meningkatnya tipe kelahiran. Hasil analisis *mean square* menunjukkan bahwa tipe kelahiran tidak berpengaruh terhadap tingkat penurunan produksi susu. Puncak produksi susu hasil pengamatan $1,29 \pm 0,007$ kg. Puncak produksi susu tidak dipengaruhi oleh paritas ($p < 0,166$) (Ayasrah *et al.*, 2013).

Bulan kelahiran tidak berpengaruh terhadap puncak produksi susu. Tahun kelahiran berpengaruh terhadap puncak produksi susu. Puncak produksi susu tidak dipengaruhi oleh peningkatan tipe kelahiran ($p > 0,05$). Interaksi antara tahun dan bulan kelahiran tidak berpengaruh terhadap puncak produksi susu.

Mean puncak produksi mingguan hasil penelitian Ayasrah *et al.* (2013) dicapai pada $3,93 \pm 0,008$ minggu. Puncak produksi mingguan pada paritas pertama dan kedua terjadi lebih lambat daripada paritas berikutnya. Bulan kelahiran memengaruhi waktu pencapaian puncak produksi susu. Kambing memerlukan waktu lebih lama untuk mencapai puncak produksi pada November daripada Februari. Tipe kelahiran memengaruhi puncak produksi susu mingguan. Induk yang melahirkan cempe kembar tiga memerlukan waktu lebih lama untuk mencapai puncak produksi daripada induk yang melahirkan cempe tunggal maupun kembar dua (Ayasrah *et al.*, 2013).

Tahun kelahiran memengaruhi puncak produksi susu mingguan. Paritas dan bulan kelahiran berinteraksi memengaruhi puncak produksi susu mingguan. Mean persistensi ternak adalah $0,86 \pm 0,0003$. Nilai persistensi paritas pertama sampai ketiga lebih tinggi daripada paritas berikutnya. Peningkatan tingkat penurunan seiring dengan meningkatnya paritas menunjukkan peningkatan persistensi laktasi seiring dengan meningkatnya paritas (Ayasrah *et al.*, 2013).

Paritas berpengaruh terhadap persistensi. Tahun dan bulan kelahiran tidak memengaruhi persistensi. Tipe kelahiran tidak memengaruhi persistensi. Interaksi bulan kelahiran dan paritas tidak memengaruhi persistensi.

Estimasi heritabilitas produksi susu awal kambing Damascus 0,09 (Ayasrah *et al.*, 2013) sehingga termasuk kelas rendah. Hasil ini berbeda dengan laporan Fatal (2008) pada kambing Shami (0,58) maupun Chang *et al.* (2002) pada domba perah (0,23) tetapi lebih tinggi daripada laporan Hamed (2010) pada kambing Zaraibi (0,04). Heritabilitas tingkat peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi juga termasuk kelas rendah (0,07). Hasil ini lebih tinggi daripada kambing Zaraibi yaitu 0,02 (Hamed, 2002) tetapi lebih rendah daripada kambing Shami yaitu 0,35 (Fatal, 2008). Heritabilitas tingkat penurunan produksi susu setelah mencapai puncak yaitu 0,08 (Ayasrah *et al.*, 2013), lebih rendah daripada yang dilaporkan Fatal (2008) pada kambing Shami yaitu 0,31 tetapi lebih tinggi daripada kambing Zaraibi yaitu 0,02 (Hamed, 2010). Estimasi heritabilitas persistensi kambing Damascus 0,07 sehingga termasuk kelas rendah (Ayasrah *et al.*, 2013). . Estimasi heritabilitas puncak produksi susu kambing Damascus 0,04 sehingga termasuk kelas rendah. Estimasi heritabilitas yang rendah hasil penelitian Ayasrah *et al.* (2013) disebabkan oleh perbedaan model, bangsa ternak, keragaman genetik dan lingkungan.

F. Ringkasan

Parameter genetik merupakan nilai yang menunjukkan karakteristik genetik suatu sifat dalam populasi. Salah satu parameter genetik tersebut adalah heritabilitas, Heritabilitas merupakan nilai yang menunjukkan proporsi keragaman genetik aditif suatu sifat kuantitatif terhadap keragaman fenotipik. Heritabilitas disebut juga sebagai angka pewarisan karena keragaman genetik yang diestimasi tersebut merupakan keragaman akibat aksi gen-gen aditif dan gen aditif tersebut diwariskan secara utuh pada keturunannya, Gen-gen tersebut tidak mengalami pemisahan pada saat meiosis seperti halnya pada gen-gen non aditif. Gen non aditif yang dimaksud adalah gen dominan dan resesif.

Heritabilitas diestimasi pada sifat kuantitatif yang muncul sekali maupun berkali-kali selama hidup ternak. Heritabilitas hanya dapat

diduga berdasarkan kinerja suatu sifat yang terukur dan tidak dapat diukur secara langsung pada gen-gen yang berperan dalam pewarisan sifat. Oleh karena itu heritabilitas selalu dinyatakan dengan nilai estimasi.

Heritabilitas berkisar antara 0 sampai 1,0. Nilai heritabilitas yang tinggi menunjukkan bahwa keragaman sifat tersebut sebagian besar disebabkan oleh keragaman genetik aditif dan sedikit dipengaruhi oleh keragaman lingkungan, Heritabilitas yang tinggi dapat dicapai pada sifat-sifat produksi seperti produksi susu, pertumbuhan ternak, bobot badan dan heritabilitas yang rendah dicapai pada sifat-sifat reproduksi seperti halnya *service per conception*, *post partum mating*.

Heritabilitas bermanfaat untuk menentukan sistem pemuliaan pada wilayah tertentu. Seleksi individu dapat dipilih untuk meningkatkan kinerja generasi keturunannya apabila heritabilitas sifat berkisar antara sedang sampai tinggi. Heritabilitas yang berkisar antara sedang sampai tinggi menunjukkan bahwa korelasi antara fenotip dengan genetik atau nilai pemuliaan sedang sampai tinggi sehingga fenotip yang terukur mencerminkan genetik ternak.

Beberapa metode statistik dikembangkan untuk memperoleh nilai estimasi heritabilitas dengan cara menyingkirkan keragaman genetik non aditif agar diperoleh keragaman genetik aditif tanpa pengaruh keragaman lain, , Metode-metode tersebut antara lain metode korelasi saudara tiri sebakap (*halfsib correlation*), *nested hierarchal design*, regresi anak terhadap tetua, dan melalui percobaan seleksi. Setiap metode memiliki kemampuan yang berbeda untuk memisahkan keragaman genetik non aditif dari keragaman genetik aditif,

Keterandalan nilai heritabilitas dapat dilihat pada nilai salah baku (*standard of error*=S.E.). Nilai heritabilitas dinyatakan andal dan dapat digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan ternak apabila memiliki nilai S.E. yang lebih rendah daripada nilai heritabilitas. Nilai heritabilitas dengan S.E. yang lebih tinggi daripada nilai heritabilitas menunjukkan bahwa heritabilitas memiliki bias yang tinggi dan tidak dapat digunakan dalam penghitungan rumus-rumus pemuliaan ternak.

G.Latihan

Jawablah pertanyaan-pertanyaan di bawah ini !

1. Tuliskan perbedaan heritabilitas dalam arti luas dan dalam arti sempit !
2. Mengapa heritabilitas dalam arti sempit lebih bermanfaat dalam pemuliaan ternak daripada heritabilitas dalam arti luas?
3. Mengapa genetik aditif lebih penting daripada genetik yang berasal dari gen-gen dominan dan epistasis?
4. Pada kisaran nilai berapakah heritabilitas dinyatakan dalam kelas rendah, sedang, dan tinggi?
5. Sifat-sifat apa saja yang biasanya memiliki nilai heritabilitas sedang sampai tinggi dan sifat-sifat apa yang pada umumnya memiliki nilai heritabilitas rendah?
6. Sistem pemuliaan apa yang dapat diterapkan pada sifat dengan nilai heritabilitas rendah dan sistem pemuliaan apa yang dapat diterapkan pada sifat dengan nilai heritabilitas rendah sampai tinggi?
7. Mengapa heritabilitas dapat digunakan untuk mengetahui besarnya kecermatan seleksi?
8. Metode estimasi heritabilitas apa yang dapat dipilih apabila dalam *recording* terdapat catatan bobot sapih sekelompok anak dari beberapa pejantan namun tidak terdapat catatan bobot sapih tetua jantan maupun betina?
9. Metode estimasi heritabilitas apa yang dapat dipilih apabila dalam *recording* terdapat catatan bobot sapih sekelompok tetua jantan dan anak-anaknya ?
10. Apa manfaat nilai salah baku dalam estimasi heritabilitas? Jelaskan!
11. Mengapa heritabilitas yang diestimasi dengan metode regresi tetua betina (induk) terhadap anak memiliki bias yang lebih tinggi

daripada heritabilitas yang diestimasi dengan metode korelasi saudara tiri sebakak?

12. Apa kelebihan metode pola tersarang atau *nested hierarchal design* dibandingkan dengan metode korelasi saudara tiri sebakak dan regresi tetua terhadap anak dalam estimasi heritabilitas ?
13. Mengapa rumus heritabilitas dengan metode korelasi saudara tiri sebakak dinyatakan sebagai $4t$ ($h_s^2 = 4t$)? Jelaskan dengan menggunakan bagan hubungan antara anak yang bersaudara tiri!
14. Mengapa estimasi heritabilitas dengan percobaan seleksi jarang dilakukan ?
15. Mengapa heritabilitas selalu dinyatakan sebagai nilai estimasi atau pendugaan?

H. Daftar Pustaka

- Ayasrah E. M., S. Abou-Bakr, and M. A. M. Ibrahim. 2013. Characteristics of lactation curve in Damascus goats in Jordan. *J. Animal and Poultry Prod.* 4(8): 479 -- 491
- Becker, W. A. 1992. *Manual of Quantitative Genetics*. Fifth Edition. Academic Enterprises. Pullman. USA
- Chang, Y. M., R. Rekaya, D. Gianola, and D.L.Thomas. 2001. Genetic variation of lactation curves in diary sheep: a Bayesian analysis of Wood's function. *Livest. Prod. Sci.*, 71: 241--251
- Chen, P., T.J. Baas, J.W.Mabry, K.J.Koehler. 2003. Genetic correlations between lean growth and litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J Anim Sci.* 81:1700–1705
- Dalton, D.C. 1980. *An Introduction to Practical Animal Breeding*. Granada. London

- Falconer, R, D, and T, F, C, Mackay, 1996, Introduction to Quantitative Genetics, Longman, Malaysia
- Fatal, K. 2008. Using statistical models in genetic evaluation on Shami goats. PhD. Thesis, Faculty of Agriculture, Aleppo University, Syria
- Groeneveld, E., M. Kovac, and N. Mielenz. 2008. VCE user's guide and reference manual version 6.0. Friedrich Loeffler Institute. Neustadt. Germany
- Hamed, A. 2010. Genetic studies on Zaraibi goats. PhD thesis, Fac. Of Agric, Al-Azhar. Univ. Egypt
- Hardjosubroto. W. 1994, Aplikasi Pemuliabiakan Ternak di Lapangan. PT Grasindo. Jakarta
- Hermesch, S., B.G. Luxford, H.U.Graser. 2000. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs: 1. Description of traits and heritability estimates. Livest Prod Sci.65:239-248
- Hovenier R., E.Kanis , Th.van Asseldonk, and N.G.Westerink. 1993. Breeding for pig meat quality in halothane negative populations: A review. Pig News Inf. 14:17N-25N
- Kurnia, E. 2006. Perbandingan Nilai Pemuliaan Induk Kambing Boerawa dengan Kambing Peranakan Etawah Berdasarkan Bobot Sapih di Desa Campang. Kecamatan Gisting. Kabupaten Tanggamus. Skripsi. Fakultas Pertanian. Universitas Lampung
- Larzul, C., L.Lefaucheur, P.Ecolan, J.Gogu , A. Talmant, P.Sellier, P.Le Roy, and G.Monin. 1997. Phenotypic and genetic parameters for longissimus muscle fiber characteristics in relation to growth, carcass, and meat quality traits in large white pigs. J Anim Sci.:75:3126-3137
- Lasley, J. F. 1978. Genetics of Livestock Improvement. Edisi ketiga. Prentice Hall. Inc. Englewood Cliffs. New Jersey

- Lee, J-H., Ki-Duk Song, Hak-Kyo Lee, Kwang-Hyun Cho, Hwa-Chun Park, and Kyung-Do Park. 2015. Genetic parameters of reproductive and meat quality traits in Korean Berkshire pigs. *Asian-Australas J Anim Sci*. 28(10): 1388-1393
- Legates, E. J. and E. J. Warwick. 1990. *Breeding and Improvement of Farm Animals*. McGraw Hill Publishing Company. London
- Nugraha, H. A. 2007. *Perbandingan Potensi Genetik dan Kemampuan Mewariskan Sifat-sifat Pertumbuhan Berdasarkan Nilai Pemuliaan (Breeding Value) pada Pejantan Boer dan Boerawa*. Skripsi. Fakultas Pertanian. Universitas Lampung
- SAS. Inst. Inc. 2009. *The SAS System for Windows. Version 9.2*. Cary, NC, SAS Institute
- Sellier P. 1998. Genetic of meat and carcass traits. In: Rothschild MF, Rubinsky A, editors. *The Genetics of the Pigs*. CAB International; New York, USA: pp. 465-510
- Su, G., M.S.Lund, D.Sorensen. 2007. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *J Anim Sci*. 85:1385-1392
- Sulastri. 2014. *Karakteristik Genetik Bangsa-bangsa Kambing di Provinsi Lampung*. Disertasi. Program Pascasarjana, Fakultas Peternakan, Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta
- Sulastri, Sumadi, dan W. Hardjosubroto. 2002. Estimasi parameter genetik sifat-sifat pertumbuhan kambing Peranakan Etawah di Unit Pelaksana Teknis Ternak Singosari, Malang, Jawa Timur. *Agrosains* 15 (3) :432 -- 442
- Sulastri, Sumadi, dan T. Hartatik. 2012. Estimasi parameter genetik dan kemampuan berproduksi performans pertumbuhan kambing Rambon. *Jurnal AgriSains* 3 (5) : 1 - 9
- Syahputra, F., I. Harris, dan Sulastri. 2013. Seleksi calon induk berdasarkan nilai pemuliaan bobot saphi kambing Peranakan

Etawah di Kecamatan Metro Selatan, Kota Metro. *Jurnal Ilmiah Peternakan Terpadu* 1(3)

- Thiruvankadan, A.K., M. Murugan, K. Karunanithi, J. Muralidharan, and K. Chinnamani. 2009. Genetic and non-genetic factors affecting body weight in Tellicherry goats. *South African Journal of Animal Science*, 39 (Supplement 1) : 107 -- 111
- Tomiyama, M., T. Kanetani, Y. Tatsukawa, H. Mori, and T.Oikawa. 2011. Genetic relationships and expected responses for genetic improvement of carcass traits of Berkshire pigs. *Sci Agric (Piracicaba, Braz)*:68:594–597
- Warwick, E. J., J. M. Astuti, dan W. Hardjosubroto. 1990. *Pemuliaan Ternak*. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta
- Wood, P.D.P. 1967. Algebraic models of the lactation curves for milk, fat and protein production with estimates of seasonal variation. *Anim. Prod.* 22: 35
- Woodward, B.W., J.W.Mabry, M.T.See , J.K.Bertrand, and L.L.Benyshek. 1993. Development of an animal model for across-herd genetic evaluation of number born alive in swine. *J Anim Sci.* 71:2040–2046
- Zhang, C-Y., Y. Zhang, D-Q. Xu, X.Li, J. Su, and L-G. Yang. 2009. Genetic and phenotypic parameter estimates for growth traits in Boer goat. *Livestock Science* 124: 66–71

BAB IV.

RIPITABILITAS

A. Pendahuluan

Pokok bahasan pada materi riptabilitas terdiri dari: (1) pengertian riptabilitas, (2) manfaat riptabilitas, (3) kisaran nilai riptabilitas, (4) faktor-faktor yang berpengaruh terhadap nilai riptabilitas, dan (5) metode estimasi riptabilitas.

Materi tentang riptabilitas merupakan dasar penentuan sistem pemuliaan seperti halnya heritabilitas namun riptabilitas bermanfaat dalam seleksi untuk sifat yang muncul beberapa kali sedangkan heritabilitas dapat digunakan untuk sifat yang muncul sekali maupun beberapa kali. Nilai riptabilitas yang diperoleh selanjutnya digunakan untuk menghitung estimasi nilai pemuliaan yang akan menjadi dasar pemilihan atau penyingkiran ternak dari wilayah pembiakan.

Mahasiswa yang sudah membaca materi ini diharapkan mampu:

1. menjelaskan pengertian riptabilitas;
2. menjelaskan manfaat riptabilitas;
3. menjelaskan kisaran nilai riptabilitas;
4. menjelaskan faktor-faktor yang berpengaruh terhadap nilai riptabilitas;
5. menghitung dan menjelaskan estimasi riptabilitas dengan beberapa metode.

Permasalahan-permasalahan dan pertanyaan yang ditemukan mahasiswa setelah membaca bagian ini namun tidak memperoleh jawaban dari pokok bahasan ini dapat menelusuri pustaka yang disarankan dalam daftar pustaka atau menelusuri jurnal ilmiah.

B. Pengertian Ripitabilitas

Ripitabilitas merupakan salah satu parameter genetik yang digunakan untuk men-duga (mengestimasi) bagian dari keragaman fenotip yang disebabkan oleh ke-ragaman genetik total (aditif, dominan, dan epistasis) dan keragaman lingkungan permanen. Interaksi antara keragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen terjadi pada sifat yang kinerjanya diukur beberapa kali pada waktu yang berbeda namun pada sekelompok individu yang sama. Perbedaan kinerja suatu sifat pada sekelompok individu yang sama pada waktu yang berbeda terjadi karena adanya perbedaan keragaman lingkungan namun tidak terjadi perubahan pada keragaman genetiknya. Ripitabilitas diestimasi pada sifat-sifat yang muncul berulang kali selama ternak hidup, misalnya produksi susu per laktasi pada sapi atau kambing perah; berat sapih anak per kelahiran (paritas) pada kambing, domba, dan babi; berat wol pada setiap pencukuran bulu domba.

Konsep ripitabilitas muncul karena kinerja pada sifat yang sama pada individu yang sama menunjukkan perbedaan apabila diukur pada waktu yang berbeda. Sekelompok individu yang menunjukkan keragaman kinerja yang rendah pada beberapa kali pengukuran menunjukkan bahwa nilai estimasi ripitabilitas sifat pada sekelompok individu tersebut cukup tinggi. Estimasi ripitabilitas yang tinggi sangat diharapkan karena kinerja sifat pada waktu yang akan datang dapat diprediksi berdasarkan kinerja yang diukur pada waktu lebih awal.

Ripitabilitas merupakan konsep yang berkaitan dengan heritabilitas yang berguna untuk sifat-sifat yang muncul beberapa kali pada suatu individu. Keterkaitan ripitabilitas dengan heritabilitas disebabkan oleh bagian dari keragaman fenotipik yang sama-sama disebabkan oleh keragaman genetik aditif tetapi pada ripitabilitas

ditambah dengan keragaman genetik dominan dan epistasis serta keragaman lingkungan permanen. Hal tersebut mengakibatkan nilai ripitabilitas suatu sifat dalam populasi selalu lebih tinggi daripada nilai heritabilitas apabila diestimasi pada sifat dan kelompok individu yang sama. Oleh karena itu, nilai ripitabilitas merupakan batas atas nilai heritabilitas. Perbedaan rumus ripitabilitas dan heritabilitas dapat dilihat pada rumus berikut:

$$r = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ep}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ep}^2 + \sigma_{et}^2} = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{ep}^2}{\sigma_P^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{ep}^2 + \sigma_{et}^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_P^2}$$

Keterangan:

r = ripitabilitas

h^2 = heritabilitas

σ_a^2 = keragaman genetik aditif

σ_d^2 = keragaman genetik dominan

σ_e^2 = keragaman genetik epistasis

σ_{ep}^2 = keragaman lingkungan permanen

σ_{et}^2 = keragaman lingkungan temporer

Keragaman lingkungan permanen merupakan keragaman akibat lingkungan yang dialami ternak pada awal hidupnya yaitu pada saat masih dalam kandungan induk namun berpengaruh terhadap kinerja sifat pada kehidupan selanjutnya. Salah satu contoh keragaman lingkungan permanen adalah kekurangan nutrisi yang di-peroleh induk yang berpengaruh terhadap kinerja anak selama dalam kandungan dan setelah lahir. Contoh lainnya yaitu rendahnya produksi susu akibat

induk mengalami mastitis sehingga pedet tidak mendapat susu yang cukup pada awal hidupnya dan berpengaruh terhadap kinerja pada kehidupan selanjutnya. Keragaman lingkungan temporer merupakan keragaman yang timbul akibat pengaruh lingkungan yang dampaknya terhadap kinerja ternak hanya bersifat sementara. Contoh keragaman lingkungan temporer yakni iklim atau musim yang pengaruhnya hanya terjadi sementara dan akan kembali normal pada saat kondisi lingkungan berubah kembali.

C. Manfaat Ripitabilitas

Manfaat ripitabilitas yaitu untuk:

- a. menunjukkan besarnya peningkatan yang dapat dicapai apabila satu sifat individu diukur secara berulang-ulang;
- b. menyusun batas atas rasio keragaman genetik total dengan keragaman fenotipik atau rasio keragaman genetik aditif dengan keragaman fenotipik;
- c. meramalkan kinerja yang akan datang berdasarkan catatan sebelumnya;
- d. menghitung nilai *Most Probable Producing Ability* (MPPA) ternak betina yang digunakan untuk seleksi;
- e. menghitung Nilai Pemuliaan (NP) ternak betina pada sifat tertentu untuk seleksi.

D. Kisaran Nilai Ripitabilitas

Nilai ripitabilitas berkisar antara 0 (0%) sampai dengan 1 (100%) yang dapat di-golongkan menjadi tiga kategori yaitu rendah apabila nilainya 0,00–0,20; sedang apabila nilainya 0,20–0,40; tinggi apabila nilainya lebih dari 0,4. Nilai ini akan semakin rendah dan mendekati 0,0 apabila ragam lingkungan temporer meningkat dan sebaliknya semakin tinggi dan mendekati 1,0 apabila ragam suatu sifat se-bagian besar

dikendalikan oleh faktor genetik dan lingkungan yang sifatnya permanen.

Keterandalan nilai rিপিতাৰিতাৰitas dapat diketahui dari nilai salah baku atau *standard of error* (S.E.). Nilai rিপিতাৰিতাৰitas dinyatakan andal dan dapat digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan apabila memiliki nilai salah baku yang lebih rendah daripada nilai rিপিতাৰিতাৰitas. Nilai rিপিতাৰিতাৰitas tidak andal dan tidak dapat digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan apabila memiliki salah baku yang lebih tinggi daripada nilai rিপিতাৰিতাৰitasnya.

E. Pemisahan Keragaman pada Estimasi Rিপিতাৰিতাৰitas

Keragaman fenotipik dapat dipisah menjadi keragaman dalam individu dan ke-ragaman antarindividu apabila pengukuran satu sifat individu dilakukan secara berulang-ulang. Pemisahan tersebut menghasilkan rasio komponen keragaman yang disebut dengan rিপিতাৰিতাৰitas. Pemisahan keragaman tersebut dilakukan terhadap keragaman lingkungan dan bukan genetik namun memiliki manfaat praktis untuk analisis genetik dan program pemuliaan.

Keragaman lingkungan dalam kaitannya dengan rিপিতাৰিতাৰitas dapat dipisahkan menjadi keragaman lingkungan khusus (*special environments variances* atau $\sigma^2_{E(s)}$) dan keragaman lingkungan umum (*general environments variances* atau $\sigma^2_{E(g)}$). Keragaman lingkungan khusus menunjukkan keragaman di dalam individu yang diakibatkan oleh keadaan temporer, sedangkan keragaman lingkungan umum menunjukkan keragaman antarindividu yang diakibatkan oleh keadaan permanen. Korelasi antarpengukuran yang dilakukan secara berulang-ulang pada individu yang sama disebut rিপিতাৰিতাৰitas suatu sifat.

Rিপিতাৰিতাৰitas merupakan bagian dari keragaman fenotipik sifat tertentu pada suatu populasi yang diakibatkan oleh perbedaan-perbedaan antarindividu yang sifatnya permanen. Rasio komponen antarindividu terhadap keragaman fenotipik merupakan korelasi dalam

kelas yang dilambangkan dengan huruf 'r'. Korelasi tersebut merupakan korelasi antarpengukuran yang dilakukan secara berulang-ulang pada individu yang sama yang dinyatakan sebagai rিপিতাৰিতা. Pemisahan ke-ragaman fenotipik yang diekspresikan melalui rিপিতাৰিতা dapat dibagi menjadi komponen $\sigma_{E(p)}^2$ versus $\sigma_G^2 + \sigma_{E(g)}^2$ sehingga rিপিতাৰিতা dapat ditulis dengan rumus sebagai berikut:

$$r = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{E(g)}^2}{\sigma_P^2}.$$

F. Faktor-faktor yang Berpengaruh terhadap Nilai Rিপিতাৰিতা

Faktor-faktor yang berpengaruh terhadap nilai rিপিতাৰিতা antara lain keragaman lingkungan temporer dan interaksinya dengan genetik individu-individu dalam populasi pada waktu yang berbeda. Interaksi tersebut menghasilkan keragaman kinerja pada waktu yang berbeda.

Nilai rিপিতাৰিতা akan semakin rendah dan mendekati 0,0 apabila ragam lingkungan temporer meningkat. Sebaliknya, nilainya semakin tinggi dan mendekati 1,0 apabila ragam suatu sifat sebagian besar dikendalikan oleh faktor genetik dan lingkungan yang sifatnya permanen.

Rিপিতাৰিতা dapat dijelaskan dengan pernyataan bahwa setiap hasil pengamatan sifat-sifat produksi menggambarkan hasil kerja sama antara faktor genetik dan lingkungan. Apabila pengamatan terhadap suatu sifat dilakukan berulang-ulang maka hasil pengamatan pada lingkungan pertama akan berbeda dengan lingkungan pengamatan kedua, dan pengamatan pada lingkungan yang kedua akan berbeda pula dengan pengamatan berikutnya.

G. Metode Estimasi Rিপিতাৰিতা

Rিপিতাৰিতা দাৰু ডিেস্টিমাসি ডগন মেডে কোৰেলসি অন্টারকেলাস অৰাৰা তেৰদাৰু দুা কান্জা অতা দুা কালি পঙ্কুৰান পাৰা সেটিপ ঈনডিভু বেতনা. মেডে কোৰেলসি ডাৰু কেলাস ডিগুনাকন অৰাৰা তেৰদাৰু লেৰি ডাৰু দুা পঙ্কুৰান পাৰা সেটিপ ঈনডিভু ডাৰু পপুলাসি.

ঈলা ঈপিতাৰিতা যঙ্গ সুডা তঙ্গি বেৰদাসৰকন দুা কান্জা তিডাক পেরু মেনুঙ্গু তাম্বাৰন কান্জা লাগি অন্টু মেলাকুন এস্টিমাসি কেৰনা কান্জা ডিপেরোল সেডিক পেরিঙ্কান ঈলা ঈপিতাৰিতা. অৰাৰা বেৰদাসৰকন দুা কান্জা ডিপেরোল ঈলা ঈপিতাৰিতা যঙ্গ রেদা, মাكا ডিপেরুলকন পেরনাম্বাৰন কান্জা অন্টু মে-পেরোল পেরিঙ্কান ঈপিতাৰিতা যঙ্গ লেৰি তঙ্গি.

1. Metode korelasi antarkelas (*interclass correlation*)

মেডে কোৰেলসি অন্টারকেলাস ডিগুনাকন অন্টু এস্টিমাসি ঈপিতাৰিতা ডাৰু পপুলাসি যঙ্গ মাঙ্গ-মাঙ্গ ঈনডিভু মেমিলি কান্জা কান্জা দুা কালি পঙ্কুৰান. মিসাল্যা: পেরুসি সুসু লাকাসি পেরতা ডন কেদুা, বেৰত সাপিহ চেম্পে পাৰা দুা পেরিতাস (কেলাহিৰান) যাকি পেরিতাস পেরতা ডন কেদুা কাম্বিং. রুমুস এস্টিমাসি ঈপিতাৰিতা সেৰাগি বেৰিকু:

$$r = \frac{\sum XY - \left(\frac{\sum X \sum Y}{n}\right)}{\sqrt{\left(\sum X^2 - \frac{(\sum X)^2}{n}\right)\left(\sum Y^2 - \frac{(\sum Y)^2}{n}\right)}}$$

Keterangan:

r = ঈপিতাৰিতা

X = কান্জা সুাতু সিফা পাৰা পঙ্কুৰান পেরতা

Y = কান্জা সুাতু সিফা পাৰা পঙ্কুৰান কেদুা

n = জুমলা ঈনডিভু

Contoh soal:

Nilai ripitabilitas berat sapih pada kelompok kambing Kacang akan diestimasi berdasarkan catatan berat sapih pada paritas pertama dan kedua. Data berat sapih kedua paritas tersebut terdapat pada Tabel 1.4.

Tabel 1.4 Berat sapih cempes dari 25 ekor induk kambing Kacang

No.urut induk	Berat sapih kambing Kacang (kg)	
	Paritas I (X)	Paritas II (Y)
1	8	7
2	4	6
3	5	6
4	5	6
5	3	6
6	5	6
7	7	6
8	8	8
9	5	6
10	3	6
11	8	9
12	8	8
13	9	8
14	5	7
15	9	8
16	8	8
17	7	8
18	5	6
19	9	8
20	8	8
21	8	8
22	5	6
23	5	6
24	7	6
25	9	8

Penyelesaian:

Mahasiswa dapat membuat kolom dan baris tambahan pada tabel untuk me-mudahkan penghitungan estimasi seperti terdapat pada Tabel 2.4.

$$r = \frac{1181 - \frac{(163)(175)}{25}}{\sqrt{\left(1153 - \frac{(163)^2}{25}\right)\left(1251 - \frac{(175)^2}{25}\right)}} \rightarrow r = 0,8528$$

Tabel 2.4 Data berat sapih kambing Kacang pada kelahiran pertama dan kedua

untuk estimasi rpitabilitas dengan metode *interclass correlation*.

No. urut induk	Berat sapih (kg)		X ²	Y ²	ΣXY
	Paritas I (X)	Paritas II (Y)			
1	8	7	64	49	56
2	4	6	16	36	24
3	5	6	25	36	30
4	5	6	25	36	30
5	3	6	9	36	18
6	5	6	25	36	30
7	7	6	49	36	42
8	8	8	64	64	64
9	5	6	25	36	30
10	3	6	9	36	18
11	8	9	64	81	72
12	8	8	64	64	64
13	9	8	81	64	72
14	5	7	25	49	35
15	9	8	81	64	72
16	8	8	64	64	64

17	7	8	49	64	56
18	5	6	25	36	30
19	9	8	81	64	72
20	8	8	64	64	64
21	8	8	64	64	64
22	5	6	25	36	30
23	5	6	25	36	30
24	7	6	49	36	42
25	9	8	81	64	72
Total	163	175	1.153	1.251	1.181

Ripitabilitas berat sapih sebesar 0,8528 berarti bahwa perbedaan atau keragaman berat sapih kambing Kacang pada paritas I dan II sebesar 85,28%. Hal ini disebabkan oleh ke-ragaman genetik total dan lingkungan permanen; sisanya sebesar 14,72% (berasal dari 100% - 85,28%) disebabkan oleh keragaman lingkungan temporer.

2. Metode korelasi dalam kelas (*intraclass correlation*)

Metode korelasi dalam kelas dapat digunakan dalam estimasi ripitabilitas apabila masing-masing individu memiliki lebih dari dua pengukuran catatan kinerja suatu sifat, misalnya produksi susu pada tiga laktasi dan berat sapih cempes pada lima paritas. Estimasi ripitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas menggunakan analisis keragaman untuk memperoleh nilai keragaman yang diperlukan untuk menghitung estimasi ripitabilitas.

Model matematik pada estimasi ripitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas sebagai berikut:

$$Y_{km} = \mu + \alpha_k + \theta_{km}$$

Keterangan:

- Y_{km} = hasil pengamatan ke-m pada individu ke-k
- μ = rata-rata kinerja suatu sifat dalam populasi
- α_k = pengaruh individu ke-k
- e_{km} = pengaruh lingkungan tidak terkontrol

Analisis keragaman terdapat pada Tabel 3.4.

Tabel 3.4 Analisis keragaman untuk estimasi rinitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas.

Sumber keragaman	d.f.	SS	MS	EMS (komponen keragaman)
Antar individu	n-1	SS _w	MS _w	$\sigma_E^2 + k\sigma_w^2$
Antar pengukuran dalam individu	n(m-1)	SS _E	MS _E	σ_E^2

Keterangan:

d.f. = *degree of freedom* = derajat bebas (db)

n = jumlah individu

m = jumlah pengukuran per individu, k = m

SS = *sum of square* = jumlah kuadrat

MS = *mean of square* = kuadrat tengah

EMS = *expected mean of square* = kuadrat tengah harapan

σ_w^2 = keragaman genetik total dan lingkungan permanen antarindividu dalam populasi

σ_E^2 = keragaman lingkungan temporer

Estimasi rinitabilitas (r) dihitung dengan rumus:

$$r = \frac{\sigma_w^2}{\sigma_w^2 + \sigma_E^2}$$

Peneliti yang akan menghitung estimasi rinitabilitas harus membuat tabel analisis keragaman untuk mempermudah mendapatkan nilai dan

σ_w^2 dan σ_E^2 yang merupakan komponen utama rinitabilitas. Rumus-rumus yang digunakan dalam analisis keragaman adalah rumus SS (SS_w dan SS_e), MS (MS_w dan MSE). Nilai db, SS, MS, dan EMS pada masing-masing baris yaitu baris antarindividu dan antarpengukuran dalam individu berkaitan erat. Nilai db digunakan untuk menghitung MS yang berasal dari SS dibagi db. Pada baris antarindividu, $MS_w = SS_w/d.f.(w)$ dan $MS_w = \sigma_E^2 + k\sigma_w^2$. Pada baris antarpengukuran dalam individu, $MS_E = SS_E/d.f.(E)$ dan $MSE = \sigma_E^2$. Rumus-rumus penghitungan SS dan MS terdapat pada Tabel 4.4.

Tabel 4.4 Rumus-rumus penghitungan SS dan MS pada estimasi rinitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas.

Sumber	d.f.	SS	MS
Faktor koreksi (FK)			
$\frac{Y_{..}^2}{n.}$			
Antarindividu	n-1	$SS_w = \sum_k \frac{Y_{k.}^2}{m_{k-}} - FK$	$MS_w = \frac{SS_w}{n-1}$
Antarpengukuran dalam individu	n (m-1)	$SS_E = \sum_k \sum_m Y_{km}^2 - \sum_k \frac{Y_{k.}^2}{m_k}$	$MS_e = \frac{SS_e}{n(m-1)}$

Keterangan: m_k = jumlah pengukuran individu ke-k

Estimasi σ_E^2 dan σ_w^2 adalah:

$$\sigma_E^2 = MS_E$$

$$\sigma_w^2 = \frac{MS_w - MS_E}{k_1}$$

Estimasi nilai rিপিতাৰিতাৰ যাইত:

$$r = \frac{\sigma_w^2}{\sigma_w^2 + \sigma_E^2}$$

Salah baku atau *standard of error* (S.E.) rিপিতাৰিতাৰ যাইত:

$$S.E.(r) = \sqrt{\frac{2(1-r)^2[1+(k-1)r]^2}{k(k-1)(n-1)}}$$

Contoh soal.

Data berat sapih cembe Kacang yang merupakan anak dari 19 ekor induk pada 4 kelahiran akan digunakan untuk estimasi rিপিতাৰিতাৰ dengan metode korelasi dalam kelas. Data tersebut tertera pada Tabel 5.4.

Tabel 5.4 Data berat sapih cembe Kacang 4 paritas dari 19 ekor induk

No. induk	Paritas			
	1	2	3	4
	---kg---			
1	4	5	5	6
2	4	6	5	5
3	5	6	6	6
4	5	5	6	6
5	5	6	5	6
6	5	4	5	6
7	7	7	6	7
8	5	5	5	6
9	5	6	5	4
10	5	6	6	6
11	6	7	6	5
12	7	7	7	7
13	6	5	6	5
14	6	6	6	7

15	7	6	6	7
16	7	7	6	6
17	7	8	8	8
18	5	6	6	6
19	7	7	7	7

Penyelesaian:

Kolom dapat ditambahkan pada tabel untuk memudahkan perhitungan selanjutnya sehingga menjadi tabel perhitungan estimasi ripitabilitas berat saphi kambing Kacang dengan metode korelasi dalam kelas seperti pada Tabel 6.4.

$$m. = \text{jumlah seluruh data} = (19)(4) = 76$$

$$Y.. = \text{hasil penjumlahan seluruh data} = 4 + 4 + 5 + \dots + 8 + 6 + 7 = 451,00$$

$$\text{Faktor koreksi} = FK = \frac{451,00^2}{76} = 2.676,369.$$

Tabel 6.4 Pengolahan data berat saphi kambing Kacang untuk estimasi ripitabilitas dengan metode korelasi dalam kelas.

No. induk	Paritas				Y _k .	$\frac{Y_k^2}{n} = \frac{Y_k^2}{4}$
	1	2	3	4		
1	4	5	5	6	20	100
2	4	6	5	5	20	100
3	5	6	6	6	23	132.25
4	5	5	6	6	22	121
5	5	6	5	6	22	121
6	5	4	5	6	20	100
7	7	7	6	7	27	182.25
8	5	5	5	6	21	110.25
9	5	6	5	4	20	100

10	5	6	6	6	23	132.25
11	6	7	6	5	24	144
12	7	7	7	7	28	196
13	6	5	6	5	22	121
14	6	6	6	7	25	156.25
15	7	6	6	7	26	169
16	7	7	6	6	26	169
17	7	8	8	8	31	240.25
18	5	6	6	6	23	132.25
19	7	7	7	7	28	196

$$\sum_k \frac{Y_{k.}^2}{m_k} = \frac{20^2 + 20^2 + 23^2 + \dots + 31^2 + 23^2 + 28^2}{4} = 2.722,75$$

$$\sum_k \sum_m Y_{km}^2 = 4^2 + 4^2 + 5^2 + \dots + 8^2 + 6^2 + 7^2 = 2.743,00$$

$$SS_w = \sum_k \frac{Y_{k.}^2}{m_k} - FK = 2.722,75 - 2.676,369 = 46,4211$$

$$SS_E = \sum_k \sum_m Y_{km}^2 - \sum_k \frac{Y_{k.}^2}{m_k} = 2.743,00 - 2.722,75 = 20,25$$

Penghitungan keragaman individu (σ_w^2) dan keragaman lingkungan (σ_E^2) dilaku-kan melalui analisis keragaman yang tertera pada Tabel 7.4.

Tabel 7.4 Analisis keragaman untuk estimasi riptabilitas berat sapih kambing Kacang dengan metode korelasi dalam kelas.

Sumber keragaman	d.f.	SS	MS	EMS (komponen keragaman)
Antarindividu	19 - 1 = 18	SS _w = 46,4211	MS _w = 46,4211/18 = 2,5759	$\sigma_E^2 + 4\sigma_w^2$
Antarpengukuran dalam individu	19 (4-1) = 57	SS _E = 20,25	MS _E = 20,25/57 = 0,3553	σ_E^2

$$\sigma_E^2 + 4\sigma_w^2 = 2,5759 \quad \sigma_E^2 = 0,3553$$

$$\sigma_w^2 = \frac{2,5759 - 0,3553}{4} = 0,6447$$

Estimasi riptabilitas dihitung dengan rumus berikut:

$$r = \frac{\sigma_w^2}{\sigma_w^2 + \sigma_E^2} = \frac{0,6447}{0,6447 + 0,3553} = 0,64$$

Salah baku (*standard of error* = S.E.) riptabilitas dihitung dengan rumus berikut:

$$S.E.(r) = \sqrt{\frac{2(1-r)^2[1+(k-1)r]^2}{k(k-1)(n-1)}} = \sqrt{\frac{2(1-0,64)^2[1+(4-1)0,64]^2}{4(4-1)(76-1)}} = 0,0017$$

Estimasi riptabilitas berat sapih kambing Kacang = $0,6447 \pm 0,0017$

Model genetik

Model genetik merupakan model yang menjelaskan gen-gen yang terlibat dalam estimasi rипitabilitas. Model genetik bermanfaat untuk membahas besarnya nilai rипitabilitas dibandingkan dengan nilai heritabilitas berdasarkan proporsi gen-gen yang terlibat dalam estimasi. Model genetik tersebut terdapat pada Tabel 8.4.

Tabel 8.4 Model genetik pada estimasi rипitabilitas

Sumber	V_A	V_D	V_{AA}	V_{AD}	V_{DD}	V_{EG}	V_{ES}
σ_w^2	1	1	1	1	1	1	0
σ_E^2	0	0	0	0	0	0	1

Berdasarkan tabel di atas diketahui bahwa dalam komponen keragaman antar-individu terdapat keragaman genetik aditif (V_A), dominan (V_D), interaksi gen aditif dan gen dominan (V_{AD}), interaksi gen dominan dan dominan (V_{DD}), ke-ragaman lingkungan umum (V_{EG}) yang masing-masing sebesar satu bagian dan tidak terdapat keragaman lingkungan spesial (V_{EG}). Komponen keragaman antar- pengukuran dalam individu hanya terdiri dari satu bagian V_{ES} sedangkan ke-ragaman genetik lainnya nol. Adanya keragaman genetik aditif dan dominan serta interaksi diantara keduanya menunjukkan bahwa estimasi rипitabilitas merupakan pendugaan bagian dari keragaman fenotipik yang disebabkan oleh keragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen (keragaman lingkungan umum). Hal tersebut mengakibatkan nilai rипitabilitas selalu lebih tinggi daripada heritabilitas apabila diestimasi pada sifat dan populasi yang sama.

Berdasarkan model genetik pada estimasi rипitabilitas diketahui bahwa dalam estimasi rипitabilitas terdapat proporsi keragaman lingkungan permanen sedang-kan dalam keragaman fenotipik mengandung proporsi keragaman lingkungan temporer. Proporsi keragaman lingkungan temporer yang terlalu tinggi dalam ke-ragaman fenotipik dapat menekan atau memperkecil proporsi keragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen sehingga nilai rипitabilitas yang di-peroleh rendah.

H. Hasil Penelitian Penulis tentang Estimasi Ripitabilitas

Hasil penelitian penulis pada kambing Peranakan Etawah (PE) di Kelompok Tani Margarini, Desa Sungai Langka, Kecamatan Gedongtataan, Kabupaten Pesawaran menunjukkan bahwa ripitabilitas pada sifat-sifat lahir paling rendah, meningkat pada sifat-sifat sapih, dan tertinggi pada sifat umur setahun. Estimasi ripitabilitas kambing PE pada berat badan dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir, sapih, dan umur setahun terdapat pada Tabel 9.4.

Tabel 9.4. Estimasi ripitabilitas berat badan dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir, sapih, dan umur setahun kambing PE di Kelompok Tani Margarini.

Sifat	Tahapan umur		
	Lahir	Sapih	Satu tahun
a. Berat badan	0,18±0,04	0,23±0,08	0,25±0,09
b. Tinggi badan	0,19±0,11	0,24±0,02	0,25±0,07
c. Panjang badan	0,19±0,03	0,24±0,09	0,24±0,05
d. Lingkar dada	0,17±0,06	0,23±0,07	0,23±0,06
e. Tinggi pinggul	0,18±0,08	0,26±0,07	0,23±0,08
f. Panjang telinga	0,13±0,05	0,15±0,05	0,17±0,01
g. Lebar telinga	0,12±0,03	0,14±0,03	0,15±0,01

Perbedaan individu yang diamati dalam estimasi ripitabilitas dipengaruhi oleh ke-ragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen. Keragaman genetik total tersebut meliputi keragaman genetik aditif, dominan, dan epistasis yang di-wariskan dari induk dan tetua jantan dengan proporsi masing-masing separuh bagian. Keragaman lingkungan permanen yang berpengaruh terhadap kinerja individu berasal dari keragaman maternal yang berpengaruh terhadap

per-kembangan dan pertumbuhan fetus selama dalam masa kebuntingan induk. Pengaruh maternal tersebut antara lain meliputi kesehatan induk yang ber-pengaruh terhadap kesehatan organ reproduksi dan kandungan nutrisi dalam pakan induk yang berpengaruh terhadap pertumbuhan fetus.

Keragaman lingkungan temporer yang berpengaruh terhadap kinerja pertumbuhan fetus adalah kondisi lingkungan eksternal yang berpengaruh secara langsung terhadap keragaman maternal. Hal tersebut menunjukkan bahwa berat dan ukuran tubuh saat lahir sangat tergantung pada keragaman induk.

Keragaman induk tergantung pada keragaman lingkungan temporer. Tingginya keragaman lingkungan temporer tersebut memperkecil proporsi keragaman genetik dan lingkungan permanen. Tingginya keragaman lingkungan temporer mengakibatkan lebih rendahnya nilai riptabilitas daripada kinerja pertumbuhan saat sapih maupun umur satu tahun.

Keragaman lingkungan permanen merupakan keragaman yang bukan disebabkan oleh genetik tetapi berpengaruh terhadap keragaman kinerja individu selama hidupnya. Pengaruh seperti penyakit atau kekurangan gizi pada awal pertumbuhan fetus, pengaruh lingkungan dalam kandungan merupakan kemungkinan penyebab tinggi rendahnya kinerja individu.

Estimasi riptabilitas kinerja pertumbuhan saat sapih lebih tinggi daripada saat lahir untuk seluruh sifat dan bangsa kambing yang diamati. Hal tersebut disebabkan semakin rendahnya ketergantungan cempem terhadap induk seiring dengan me-ningkatnya umur cempem dan akan mulai bebas dari pengaruh induk pada saat sapih. Semakin rendahnya ketergantungan cempem terhadap pengaruh induk mengakibatkan semakin rendahnya komponen keragaman lingkungan temporer sehingga meningkatkan keragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen. Selama masa menyusui, cempem sudah mulai belajar makan sendiri dan mulai mengalami penurunan dalam

menyusu induk seiring dengan meningkatnya kemampuan dan kapasitas rumen untuk mencerna pakan.

Estimasi ripitabilitas kinerja berat sapih yang termasuk kelas sedang dapat digunakan untuk memprediksi kinerja pertumbuhan pada kehidupan selanjutnya. Misalnya, memprediksi kinerja pertumbuhan saat sapih pada paritas ketiga dan seterusnya berdasarkan data kinerja pada paritas pertama dan kedua. Selain itu, nilai ripitabilitas tersebut dapat digunakan untuk menduga heritabilitas suatu sifat pertumbuhan saat sapih yang dihitung berdasarkan rata-rata beberapa kali pengukuran.

Estimasi ripitabilitas kinerja berat setahun lebih tinggi daripada kinerja saat umur sapih. Hal tersebut disebabkan semakin rendahnya pengaruh keragaman lingkungan temporer sehingga meningkatkan keragaman genetik total dan keragaman lingkungan permanen. Keragaman lingkungan temporer yang rendah pada saat umur setahun dikarenakan pada umur tersebut keragaman kinerja pertumbuhan kambing sudah tidak dipengaruhi oleh keragaman temporer yang berasal dari induk (maternal).

Keragaman lingkungan temporer yang diperoleh individu-individu pada umur satu tahun hanya berasal dari manajemen pemeliharaan. Manajemen pemeliharaan tersebut diantaranya kualitas dan kuantitas pakan yang dikonsumsi.

I. Hasil Penelitian tentang Estimasi Ripitabilitas

Aditya *et al.* (2015) melaporkan metode penelitiannya pada sapi perah di Balai Besar Pembibitan Ternak Unggul dan Hijauan Pakan Ternak Baturraden Purwokerto. Penelitian bertujuan melakukan estimasi ripitabilitas produksi susu pada sapi Friesian Holstein (FH) dan Peranakan Friesian Holstein (PFH). Ripitabilitas diestimasi dengan metode korelasi antarkelas. Data yang digunakan adalah produksi susu laktasi pertama dan kedua dari 39 ekor sapi FH dan 39 ekor sapi PFH. Rata-rata produksi susu sapi FH dan PFH masing-masing $5.346,50 \pm$

476,11 liter dan $4.403,26 \pm 539,70$ liter. Estimasi ripitabilitas produksi susu sapi FH dan PFH masing-masing 0,29 dan 0,13.

Yuwanda *et al.* (2016) melaporkan bahwa estimasi ripitabilitas dilakukan dengan metode korelasi antarkelas. Estimasi dilakukan terhadap data bobot badan umur enam bulan terkoreksi dari 30 ekor kambing Boerawa grade 1 dan Boerawa grade 2 di Kelompok Tani Karya Makmur I, Karya Makmur II, dan Pelita Karya III yang berlokasi di Desa Wonoharjo, Kecamatan Sumberejo, Kabupaten Tanggamus, Provinsi Lampung. Rata-rata bobot badan umur 6 bulan terkoreksi kambing Boerawa *grade 1* ($20,57 \pm 1,12$ kg) tidak berbeda ($P > 0,05$) dengan Boerawa *grade 2* ($22,70 \pm 1,06$ kg). Estimasi ripitabilitas bobot badan umur 6 bulan kambing Boerawa *grade 1* dan *grade 2* masing-masing 0,29 dan 0,33.

Hasil penelitian Yananda *et al.* (2013) pada kambing PE menunjukkan bahwa rata-rata bobot sapih 30 ekor kambing PE pada paritas pertama 22,41 kg dan paritas kedua 22,34 kg. Estimasi ripitabilitas bobot sapih 0,31. Ripitabilitas diestimasi dengan metode korelasi antarkelas.

Sulastri *et al.* (2002) melaporkan hasil penelitiannya pada kambing PE di Unit Pelaksana Teknis Ternak Singosari, Malang, Jawa Timur pada Tabel... Ripitabilitas diestimasi dengan metode korelasi antarkelas dan korelasi dalam kelas. Nilai estimasi ripitabilitas bobot lahir (BL), bobot sapih (BS), dan bobot umur satu tahun (BSt) seluruhnya termasuk katagori tinggi kecuali BS yang diestimasi dengan metode korelasi antarkelas ($0,13 \pm 0,18$). Hal tersebut menunjukkan bahwa peningkatan kinerja pertumbuhan dapat ditingkatkan melalui seleksi individu.

Nilai estimasi ripitabilitas BS dengan metode korelasi antarkelas tersebut termasuk katagori rendah dan memiliki bias yang tinggi yang terlihat pada lebih tingginya nilai salah baku ripitabilitas (0,19) dibanding nilai ripitabilitas (0,13). Nilai estimasi ripitabilitas BS pada 6 paritas (dengan metode korelasi dalam kelas) termasuk katagori tinggi ($0,45 \pm 0,09$). Hal tersebut menunjukkan bahwa nilai ripitabilitas rendah pada dua kali paritas dapat menunjukkan peningkatan setelah

diestimasi berdasarkan lebih banyak catatan. Nilai riptabilitas performa pertumbuhan kambing PE di UPT Ternak Singosari, Malang, Jawa Timur terdapat pada Tabel 10.4.

Tabel 10.4 Nilai riptabilitas performa pertumbuhan kambing PE di UPT Ternak Singosari, Malang, Jawa Timur

Sifat pertumbuhan	Jumlah paritas (kali)	Riptabilitas	Jumlah paritas	Riptabilitas
Bobot lahir	6	0,41 ± 0,08	2	0,49 ± 0,14
Bobot sapih	6	0,45 ± 0,09	2	0,13 ± 0,18
Bobot umur satu tahun	5	0,51 ± 0,09	2	0,57 ± 0,12

Sumber: Sulastri *et al.* (2002)

Sebanyak 310 catatan *litter size* dari 116 ekor induk digunakan dalam penelitian Akpa *et al.* (2010). Kambing dipelihara secara tradisional oleh peternak kecil di perdesaan, digembalakan pada pagi hari dan dimasukkan dalam kandang pada malam hari. Kambing diberi suplemen pada pagi hari sebelum digembalakan. Suplemen tersebut meliputi *groundnut hulks*, *beans pods*, *maize*, *millet*s, dan sorgum. Kambing mendapat pakan dan air. Data dianalisis dengan menggunakan statistik deskriptif, analisis keragaman, dan prosedur analisis korelasi SAS (1999). Pengelompokan dilakukan terhadap ukuran kelompok ternak (= 10, 11 – 20, 21 – 30); pejantan *breeding* (1, 2, 3, 5), dan betina *breeding* (2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10). Prosedur general linear model dari SAS (1999) digunakan untuk menentukan pengaruh terhadap LS. Model yang digunakan adalah $Y_{ijkln} = \mu + F_i + H_j + M_k + R_l + e_{ijkln}$, (Y_{ijkln} =LS induk yang diamati, μ = mean, F = efek ke- i jumlah betina *breeding* per kelompok, H_j = efek ke- j ukuran kelompok, M_k = efek ke- k jumlah pejantan *breeding*, R_l = efek rasio perkawinan ke- l dan e_{ijkln} = *random*

error. Rিপিতাৰিতাৰা LS ৰূতূৰূনা ৰূggunaka ৰূtode ৰূkponen

keragam sebagai berikut:
$$r = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_E^2}$$

σ_A^2 = keragaman ternak, σ_E^2 = keragaman lingkungan

Rata-rata rিপিতাৰিতাৰা ৰূtara kelompok 0,41. Rিপিতাৰিতাৰা LS ৰূtara ৰূggunaka ৰূtara kelompok yaitu 0,71, 0,60, ৰূtara 0,32 ৰূtara ৰূtara ৰূtara kelompok ৰূtara ৰূtara 10 ৰূtara, 11 – 20 ৰূtara, ৰূtara 21 – 30 ৰূtara (Akpa et al., 2010). Hasil estimasi rিপিতাৰিতাৰা LS ৰূtara ৰূtara ৰূtara 11.4.

Tabel 11.4 Rিপিতাৰিতাৰা LS ৰূtara kelompok ৰূtara ৰূtara ৰূtara peternakan rakyat

Ukuran kelompok	LS	Rিপিতাৰিতাৰা
≤10 ekor	1,7	0,71
11 – 20 ekor	1,7	0,60
21 – 30 ekor	1,5	0,32
Seluruh kambing	1,6	0,41

Sumber: Akpa et al. (2010)

Rata-rata ukuran kelompok kambing *breeding* yang diamati 15,5 ekor. Rata-rata pejantan *breeding* ৰূtara lokasi penelitian 1,8, betina *breeding* ৰূtara kelompok 6,5, rasio pejantan ৰূtara induk 4,9, LS induk 1,7. Karakteristik tersebut sangat bervariasi (koefisien keragaman 42 – 70 %). Persentase kambing betina *breeding* ৰূtara kelompok kambing ৰূtara ৰূtara seiring dengan ৰূtara ৰূtara ৰূtara ukuran kelompok, 75 % kambing betina ৰূtara kelompok ৰূtara ৰূtara 10 ৰূtara, 76 % induk ৰূtara kelompok ৰূtara ৰূtara 11–20 ৰূtara, 90% ৰূtara kelompok ৰূtara ৰূtara 21 – 30 ৰূtara.

Rasio kambing jantan dan kambing betina pada kelompok berukuran 21 – 30 ekor adalah 1:10, untuk kelompok berukuran 10 ekor dan 11 – 20 ekor masing-masing 1:3 (Akpa *et al.*, 2010).

Ukuran kelompok, pejantan *breeding*, betina *breeding*, dan rasio perkawinan nyata ($P < 0,05$) memengaruhi LS, LS pada kelompok berukuran 10 dan 11–20 ekor lebih baik daripada kelompok berukuran 21 – 30 ekor. Rasio perkawinan yang baik di lokasi pengamatan adalah 1:6 dan 1:7 yang menghasilkan 1,8 litter per induk. Perkawinan dengan rasio 1:2 dan 1:5 menghasilkan 1,7 litter per induk. Rasio perkawinan 1:9 menghasilkan 1,4 litter per induk.

Hubungan yang erat antara ukuran kelompok ternak, pejantan dan betina *breeding*, rasio perkawinan, dan LS kambing menunjukkan bahwa ukuran kelompok nyata ($P < 0,01$) dan berkorelasi positif ($r = 0,40 - 0,80$) dengan pejantan dan betina *breeding* dalam kelompok. Jumlah pejantan *breeding* dalam kelompok nyata ($P < 0,05$) berkorelasi ($r = 0,25$) dengan betina *breeding* tetapi berkorelasi negatif dengan rasio perkawinan ($P < 0,01$, $r = -0,75$). Rasio perkawinan nyata ($P < 0,01$) berkorelasi dengan jumlah betina *breeding* dalam kelompok ($r = 0,50$). Litter size betina tidak berkorelasi ($P > 0,05$) dengan karakteristik kelompok *breeding* yang diukur ($r = 0,04 - 0,05$).

Rata-rata ripitabilitas dalam kelompok 0,41. Ripitabilitas LS menurun dengan meningkatnya ukuran kelompok yaitu 0,71, 0,60, dan 0,32 masing-masing untuk kelompok dengan ukuran 10 ekor, 11 – 20 ekor, dan 21 – 30 kambing (Akpa *et al.*, 2010).

Nurgartingsih *et al.* (2008) melaporkan materi penelitiannya berupa populasi dasar puyuh yang terdiri dari 50 ekor puyuh jantan dan 200 ekor puyuh betina. Sebanyak 10 kelompok puyuh jantan yang masing-masing terdiri dari 4 ekor per kelompok dan 10 kelompok puyuh betina yang terdiri dari 7 ekor per kelompok diambil secara acak dari populasi dasar puyuh. Puyuh ditempatkan di dalam kandang dengan kepadatan kandang 45 cm² tiap ekor. Frekuensi munculnya tingkah laku mematok bulu diamati dan dicatat di masing-masing kandang kelompok.

Metode pengamatan yang diterapkan adalah mengamati frekuensi pematukan secara langsung selama 3 jam terus menerus. Pengamatan dilakukan 1 jam terus-menerus sebanyak 4 periode yaitu dua kali pada pagi hari dan dua kali pada siang hari. Level pematukan diukur dengan frekuensi pematukan tiap individu.

Identifikasi dilakukan pada kelompok puyuh pematuk bulu tinggi (HFP) dan rendah (LFP) melalui *recording* frekuensi mematuk HFP dan LFP. Individu yang mempunyai frekuensi mematuk tertinggi dan terendah masing-masing dipilih satu ekor dari masing-masing kelompok/kandang. Materi penelitian berupa puyuh kelompok HFP (20 ekor: 10 jantan dan 10 betina) dan LFP (20 ekor: 10 jantan dan 10 betina) dan sampel darah puyuh. Metode penelitian dilakukan dengan menggunakan program perkawinan sistem *single pair mating* (1 jantan :

1 betina) dengan susunan sebagai berikut.:

- ♂ HFP X ♀ HFP (5 pasang) - ♂ HFP X ♀ LFP (5 pasang)
- ♂ LFP X ♀ HFP (5 pasang) - ♂ LFP X ♀ LFP (5 pasang)

Pembentukan kelompok keturunan pertama (F1) dilakukan berdasarkan perkawinan pada percobaan sebelumnya. Telur tetas masing-masing pasangan perkawinan dikoleksi selama 7 hari sebanyak dua periode pengumpulan. Data hasil pengamatan terhadap frekuensi pematukan dan performan produksi dianalisis dengan Analisis Ragam menggunakan software GenStat Discovery Edition 2 (VSN International Ltd).

Ripitabilitas diestimasi dengan proporsi komponen ragam total yang disebabkan oleh komponen ragam genetik aditif dan ragam lingkungan yang bersifat permanen dengan rumus sebagai berikut:

$$R = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{ep}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{ep}^2 + \sigma_{et}^2} R$$

Hasil analisis menunjukkan bahwa nilai estimasi ripitabilitas frekuensi pematukan pada puyuh jantan tergolong sedang sampai tinggi yaitu berkisar antara 0,38 sampai 0,79. Nilai ripitabilitas pada puyuh betina lebih rendah daripada puyuh jantan (0,06 sampai 0,21). Nilai ripitabilitas yang tinggi tersebut menggambarkan bahwa keragaman antarindividu dalam tingkah laku mematok yang diukur dengan frekuensi pematukan sebagian besar disebabkan oleh faktor genetik dan lingkungan yang bersifat permanen.

Perbedaan nilai ripitabilitas frekuensi pematukan antara kelompok puyuh jantan dan betina kemungkinan disebabkan oleh ekspresi tingkah laku mematok yang lebih jelas terlihat pada kelompok puyuh jantan daripada puyuh betina. Lebih tingginya nilai ripitabilitas frekuensi pematukan pada puyuh jantan menunjukkan bahwa pada kelompok jantan tingkah laku mematok mempunyai peluang yang lebih tinggi untuk diwariskan ke keturunannya. Hal ini berdampak positif karena seleksi pada jantan lebih efektif dibandingkan pada betina karena pada umumnya proporsi jantan yang diseleksi lebih sedikit (Nurgiartiningsih *et al.*, 2010).

Rastosari *et al.* (2016) melakukan penelitian di Balai Pembibitan Ternak Unggu-Hijauan Pakan Ternak (BPTU-HPT) Sembawa, Sumatera Selatan untuk memperoleh nilai estimasi ripitabilitas ukuran-ukuran tubuh sapi Brahman dengan metode korelasi antarkelas. Materi penelitian berupa catatan ukuran-ukuran tubuh 70 ekor sapi. Data yang dikumpulkan meliputi data lingkaran dada sapih, panjang badan sapih, dan tinggi gumba sapih dari tahun 2007 sampai 2013. Ripitabilitas panjang badan sapi saat sapih sapi Brahman $0,45 \pm 0,10$, tinggi gumba saat sapih (TGS) $0,24 \pm 0,11$, dan lingkaran dada saat sapih $0,22 \pm 0,11$.

Estimasi ripitabilitas produksi susu awal 0,30 dan peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi susu 0,21. Estimasi ripitabilitas penurunan produksi susu setelah mencapai puncak produksi susu 0,25. Estimasi ripitabilitas persistensi 0,21. Pada umumnya ripitabilitas kurva produksi susu lebih tinggi daripada beberapa laporan lainnya karena tingginya keberagaman lingkungan dan

genetik yang memengaruhi sifat tersebut (Ayasrah et al., 2013). Estimasi rিপিতাৰিতাৰitas tersebut terdapat pada Tabel 12.4.

Tabel 12.4 Estimasi rিপিতাৰিতাৰitas kurva produksi susu kambing Damascus

Sifat	Rিপিতাৰিতাৰitas
Produksi susu awal	0,30
Peningkatan produksi susu sampai mencapai puncak produksi	0,21
Penurunan produksi susu setelah mencapai puncak	0,25
Puncak produksi susu	0,13
Persistensi	0,21

Sumber: Ayasrah et al. (2013)

Hasan et al. (2013) melakukan penelitian untuk mengevaluasi efek genetik rিপিতাৰিতাৰitas pada bobot lahir atau birth weight (BW), bobot sapih atau weaning weight (WW), bobot badan umur 6 bulan atau weight at 6 mounths (6WM), 12 bulan atau weight at 12 mounths (12WM), umur 18 bulan atau weight at 18 mounths (18WM). Data dianalisis dengan *Mixed model*, pejantan dan induk dimasukkan dalam *random effect* dari model. Komponen kovarians dan varians dipisah kedalam komponen aditif dan non aditif (Meyer, 1992) dengan rumus sebagai berikut :

$$Y = \mu + Si + Dij + Eijk$$

Keterangan:

μ = mean

Si = efek pejantan ke-1

Dij = efek induk ke-ij dalam pejantan ke-i

Eijk = simpangan lingkungan yang tidak terkontrol

Rিপিতাৰিতাৰitas diestimasi berdasarkan komponen keragaman pejantan sesuai rekomendasi Becker (1992) dengan rumus sebagai berikut:

$$R = \frac{\sigma_w^2}{\sigma_w^2 + \sigma_e^2}$$

$$\sigma_e^2 = MS_e$$

$$\sigma_w^2 = \frac{MS_w - MS_e}{k_1}$$

Keterangan:

σ_w^2 = komponen keragaman anak

σ_e^2 = komponen keragam dalam anak

MS_w = kuadrat tengah performa

MS_e = kuadrat tengah individual

k_1 = jumlah anak

Hasil pengamatan terhadap seluruh individu yang diamati terdapat pada Tabel 13.4.

Tabel 13.4 Pengaruh faktor nongenetik terhadap sifat pertumbuhan kambing PE

Sifat	Jumlah	Mean	Salah baku	Simpangan baku	Koefisien		
					keragaman	Min	Max
BW	316	3,7	0,03	0,5	15,54	2.2	5,6
WW	316	10,57	0,11	1	17,3	5.6	15,3
6WM	25	17,02	0,25	4,06	23,6	7	25
12WM	25	32,01	0,5	15,34	36,2	11	5,00
18WM	165	4,66	0,0	10,27	21,11	24	65

Sumber: Hasan *et al.* (2013)

Hasil estimasi riptabilitas terdapat pada Tabel 14.4. Seluruh sifat yang diamati menunjukkan riptabilitas yang tinggi sehingga sifat-sifat tersebut dapat ditingkatkan melalui seleksi individu.

Tabel 14.4 Estimasi ripitabilitas sifat pertumbuhan kambing PE

Sifat	Jumlah ternak	R±SE
BW	28	0.98±0.01
WW	28	0.97±0.01
6WM	23	0.94±0.03
12WM	26	0.71±0.12
18WM	21	0.91±0.04

Sumber: Hasan *et al.* (2013)

I. Ringkasan

Ripitabilitas merupakan salah satu parameter genetik yang menduga besarnya proporsi keragaman genetik total (keragaman genetik dominan, resesif, dan epistasis) dan keragaman lingkungan permanen terhadap keragaman fenotipik (keragaman genetik total dan keragaman lingkungan total). Ripitabilitas ber-manfaat untuk menduga kinerja suatu sifat pada periode berikutnya berdasarkan catatan produksi yang sudah ada. Ripitabilitas diestimasi pada sifat yang muncul berulang-ulang selama ternak hidup; misalnya produksi susu dan produksi telur.

Ripitabilitas dapat diestimasi melalui dua metode yaitu metode korelasi antarkelas (*interclass correlation*) dan korelasi dalam kelas (*intraclass correlation*). Metode korelasi antarkelas digunakan pada sifat yang muncul sebanyak dua kali, misalnya produksi susu selama dua kali laktasi, produksi telur selama dua periode peneluran, berat sapih cempe sebanyak dua paritas dari seekor induk kambing. Ripitabilitas diestimasi dengan rumus korelasi, Metode korelasi dalam kelas digunakan pada sifat yang muncul lebih dari dua kali selama hidup ternak, misalnya produksi susu selama lima laktasi, produksi telur selama tiga kali periode peneluran, berat lahir cempe selama empat paritas dari induk-induk kambing Kacang.

Nilai ripitabilitas berkisar antara 0,0 sampai 1,0. Nilai ripitabilitas mendekati nol dan termasuk kelas rendah apabila keragaman

lingkungan temporer tinggi sehingga menekan atau memperkecil proporsi keragaman genetik total dan lingkungan permanen. Nilai ripitabilitas semakin tinggi apabila keragaman lingkungan temporer rendah sehingga meningkatkan proporsi keragaman genetik dan lingkungan permanen. Ripitabilitas merupakan batas atas nilai heritabilitas karena heritabilitas hanya menduga proporsi keragaman genetik aditif saja sedangkan ripitabilitas menduga proporsi genetik total ditambah keragaman lingkungan permanen terhadap keragaman fenotipik.

J. Latihan

Jawablah pertanyaan-pertanyaan di bawah ini dengan jawaban yang jelas

1. Apa yang dimaksud dengan ripitabilitas?
2. Mengapa ripitabilitas merupakan batas atas nilai heritabilitas?
3. Komponen keragaman apa saja yang terlibat dalam perhitungan estimasi ripitabilitas?
4. Nilai ripitabilitas dapat mencapai nilai maksimum pada proporsi keragaman yang bagaimana?
5. Apa manfaat nilai ripitabilitas dalam pemuliaan ternak?
6. Apa yang dimaksud dengan keragaman lingkungan permanen dan tuliskan satu contoh!
7. Apa yang dimaksud dengan keragaman lingkungan temporer dan tuliskan satu contoh!
8. Metode estimasi ripitabilitas mana yang lebih efektif digunakan dalam pemuliabiakan ternak? Apa alasannya?
9. Mengapa estimasi ripitabilitas lebih banyak digunakan untuk sifat=sifat yang muncul pada individu betina?
10. Pada kisaran nilai berapakah heritabilitas dinyatakan tinggi dan pada nilai salah baku yang bagaimanakah ripitabilitas dinyatakan memiliki bias yang rendah?

K. Daftar Pustaka

- Aditya, F., Sulastri, dan Novirzal. 2015. Perbandingan nilai Most Probable Producing Ability produksi susu antara sapi perah Friesian Holstein dan Peranakan Friesian Holstein di Balai Besar Pembibitan Ternak Unggul dan Hijauan Pakan Ternak Baturraden Purwokerto. *Jurnal Ilmiah Peternakan Terpadu* 3 (1):93 -- 97
- Akpa, G. N., C. Alphonsus, S.Y. Dalha, and Y.Garba. 2010. Goat breeding structure and repeatability of litter size in smallholder goat herds in Kano, Nigeria. *Animal Research International* 7(3) 1274 -- 1280
- Ayasrah E. M., S. Abou-Bakr, and M. A. M. Ibrahim. 2013. Characteristics of lactation curve in Damascus goats in Jordan. *J.Animal and Poultry Prod.* 4(8): 479 -- 491
- Becker, W. A. 1992. *Manual of Quantitative Genetics*. Fifth Edition. Academic Enterprises . Pullman. USA
- Dalton, D.C. 1980. *An Introduction to Practical Animal Breeding*. Granada. London
- Falconer, R. D. and T. F. C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, Malaysia
- Hardjosubroto, W. 1994. *Aplikasi Pemuliabiakan Ternak di Lapangan*. PT Grasindo. Jakarta
- Hasan, F., Jakaria, dan A. Gunawan. 2014. Genetic and Phenotypic parameter of body weight in Ettawa grade goats. *Media Peternakan*. 37 (1): 8 --16
- Lasley, J. F. 1978. *Genetics of Livestock Improvement*. Third Edition. Prentice Hall. Inc. Englewood Cliffs. New Jersey
- Legates, E. J. and E. J. Warwick. 1990. *Breeding and Improvement of Farm Animals*. McGraw Hill. Publishing Company. London

- Meyer, K. 1992. Variance components due to direct and maternal effect for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 31: 17 -204. [http://dx.doi.org/10.1016/0301-6226\(92\)90017-X](http://dx.doi.org/10.1016/0301-6226(92)90017-X)
- Nurgiartiningsih, V.M.A., G. Ciptadi, dan Muharlin. 2008. Estimasi nilai ripitabilitas sifat kanibalisme pada puyuh (*Coturnix coturnix japonica*). *Jurnal Ilmu-ilmu Hayati (Life Science)* 20 (1): 71 -- 76
- Rastosari, A., Sumadi, dan T. Hartatik. 2016. Ripitabilitas ukuran tubuh sapih pada sapi Brahman. *Prosiding Seminar Nasional Peternakan Berkelanjutan*. Universitas Padjadjaran. Bandung
- Sulastri. 2014. Karakteristik Genetik Bangsa-bangsa Kambing di Provinsi Lampung. *Disertasi. Program Pascasarjana. Fakultas Peternakan. Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta*
- Warwick, E. J., J. M. Astuti, dan W. Hardjosubroto. 1990. *Pemuliaan Ternak*. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta
- Yunanda, O., Sulastri, dan H.Hamdani. Seleksi induk kambing Peranakan Etawah berdasarkan nilai most probable producing ability bobot sapih di Kelompok Tani Margarini. *JIPT* 1 (3)
- Yuwanda, F., Sulastri, dan M.D.I. Hamdani. 2016. Seleksi induk kambing Boerawa *grade* 1 dan *grade* 2 berdasarkan nilai most probable producing ability bobot anak umur enam bulan. *Jurnal Ilmiah Peternakan Terpadu* 4(1): 24-28

BAB V.

KORELASI GENETIK

A. Pendahuluan

Pokok bahasan yang terdapat pada materi tentang korelasi genetik meliputi: (1) pengertian korelasi genetik, (2) manfaat korelasi genetik, (3) kisaran nilai korelasi genetik, (4) metode estimasi korelasi genetik, dan (5) hasil penelitian tentang korelasi genetik.

Materi tentang korelasi genetik merupakan materi yang penting dalam pemuliaan ternak terutama dalam seleksi. Seleksi merupakan salah satu sistem pemuliabiak-an ternak selain sistem perkawinan. Pemahaman tentang korelasi genetik berguna dalam menentukan sifat yang diseleksi dengan mempertimbangkan pengaruh positif atau negatif terhadap sifat lain yang tidak diseleksi namun memiliki korelasi genetik dengan sifat yang diseleksi.

Beberapa masalah dan pertanyaan mungkin timbul dalam pikiran mahasiswa setelah membaca materi tentang korelasi genetik dalam buku ajar ini. Pertanyaan dan permasalahan tersebut mungkin tidak ada jawabannya dalam buku ajar. Oleh karena itu, mahasiswa diharapkan menelusuri referensi yang disarankan dalam daftar pustaka pada buku ajar ini atau menelusuri jurnal ilmiah.

B. Pengertian Korelasi Genetik

Koefisien korelasi merupakan nilai yang digunakan untuk mengukur tingkat ke-eratan hubungan antara dua peubah atau dua sifat. Derajat hubungan kedua sifat tersebut diukur dengan koefisien korelasi (r) dan nilainya berkisar antara -1 sampai dengan $+1$. Hubungan kedua sifat tersebut dinyatakan sebagai hubungan linier positif apabila memiliki nilai koefisien korelasi lebih besar daripada nol. Nilai korelasi antara dua sifat yang lebih besar dari nol menunjukkan bahwa ke-dua sifat memiliki arah peningkatan yang sama. Peningkatan pada sifat pertama diiringi dengan peningkatan pada sifat kedua atau penurunan sifat pertama diiringi dengan penurunan sifat kedua. Hubungan kedua sifat dinyatakan linier sempurna apabila koefisien korelasi kedua sifat sama dengan nol; sedangkan hubungan ke-dua sifat linier negatif apabila memiliki nilai koefisien korelasi kurang dari satu.

Sifat-sifat pada ternak yang saling berkorelasi menarik untuk dipelajari karena be-berapa alasan sebagai berikut: (a) berkaitan dengan korelasi genetik akibat aksi gen pleiotropi. Pleiotropi merupakan sifat umum dari gen mayor tetapi masih sedikit informasi tentang kejadian pleiotropi yang berpengaruh terhadap genetika kuantitatif; (b) berkaitan dengan perubahan yang terjadi pada sifat yang ber-korelasi genetik akibat pelaksanaan seleksi pada satu sifat lainnya; (c) berkaitan dengan seleksi alam, hubungan antara suatu sifat yang terukur dengan penyesuaiannya merupakan sarana utama yang menentukan genetika suatu kinerja dalam populasi alami.

Korelasi genetik menggambarkan hubungan antara sifat-sifat yang diatur oleh gen atau rangkaian gen yang sama yang bersifat aditif. Korelasi antara dua sifat dapat terjadi pada ternak dan disebut dengan korelasi fenotipik. Korelasi fenotipik dapat dibagi menjadi korelasi genetik dan korelasi lingkungan. Korelasi genetik merupakan korelasi antara pengaruh genetik aditif pada dua sifat sedangkan korelasi lingkungan merupakan korelasi antara pengaruh lingkungan dan pengaruh gen nonaditif. Korelasi genetik dapat disebabkan oleh gen-gen pleiotropi yaitu gen-gen yang mengatur ekspresi dua sifat. Korelasi genetik tersebut terjadi pada populasi yang berada dalam

keseimbangan genetik dan dalam keadaan kawin acak. Korelasi genetik antara dua sifat juga dapat terjadi karena gen terangkai yaitu dua gen yang terletak pada kromosom yang sama dan masing-masing mengatur sifat yang berbeda. Kondisi tersebut terjadi pada populasi yang tidak berada dalam keadaan keseimbangan genetik.

C. Manfaat Korelasi Genetik

Korelasi genetik bermanfaat untuk melakukan estimasi respon seleksi berkorelasi yaitu peningkatan rata-rata kinerja generasi keturunannya sebagai akibat dari seleksi yang dilakukan pada sifat lain. Manfaat lain dari korelasi genetik adalah menghitung estimasi respon seleksi dengan metode seleksi indeks. Seleksi indeks merupakan seleksi untuk meningkatkan dua sifat secara bersama-sama dengan mempertimbangkan nilai ekonomis beberapa sifat tersebut.

Korelasi genetik bermanfaat untuk melakukan seleksi pada suatu sifat yang munculnya lebih akhir atau sifat yang dapat diukur setelah ternak mati (misalnya karkas) berdasarkan sifat lain yang dapat diukur lebih awal atau tidak menunggu saat ternak mati untuk meningkatkan kinerja ternak yang muncul pada akhir hidup ternak. Kedua sifat yang akan ditingkatkan dalam seleksi harus memiliki korelasi secara genetik.

D. Kisaran Nilai Korelasi Genetik

Nilai korelasi genetik dapat dikelompokkan menjadi tujuh kelompok yakni: (1) negatif tinggi apabila nilainya $-1,0$ sampai $-0,6$; (2) negatif menengah apabila nilainya $-0,5$ sampai $-0,4$; (3) negatif rendah apabila nilainya $-0,3$ sampai $-0,2$; (4) mendekati nol apabila nilainya $-0,1$ sampai $0,1$; (5) positif rendah apabila nilainya $0,2$ sampai $0,3$; (6) positif menengah apabila nilainya $0,4$ sampai $0,5$; (7) positif tinggi apabila nilainya $0,6$ sampai $1,0$.

Korelasi genetik antara dua sifat memiliki nilai yang rendah menunjukkan bahwa hanya beberapa gen yang berpengaruh terhadap dua sifat. Salah satu contoh yang baik adalah tipe dan kinerja sapi

pedaging. Seleksi untuk meningkatkan tipe sapi pedaging ternyata hanya tidak berpengaruh banyak terhadap kinerja sapi, demikian pula sebaliknya. Seleksi untuk meningkatkan kinerja sapi pedaging ternyata tidak berpengaruh banyak terhadap tipe sapi pedaging. Seleksi pada salah satu sifat yang ternyata sifat tersebut memiliki nilai korelasi genetik bernilai positif dan tinggi akan menghasilkan peningkatan kinerja pada dua sifat yang ber-korelasi walaupun seleksi tidak dilakukan secara langsung pada sifat kedua. Misalnya, seleksi untuk meningkatkan berat sapih pada kambing sekaligus dapat meningkatkan berat setahunan karena antara berat sapih dan berat setahunan memiliki korelasi genetik bernilai positif dan tinggi. Berbeda dengan seleksi pada sapi perah untuk meningkatkan produksi susu akan menurunkan kadar lemak susu karena korelasi genetik antara produksi susu dan kadar lemak bernilai negatif dan berkisar antara sedang sampai tinggi. Hal tersebut menunjukkan bahwa pelaksanaan seleksi harus memperhatikan adanya korelasi genetik dengan sifat lain yang berkorelasi.

Dua sifat yang diestimasi dengan metode tertentu dapat menunjukkan nilai yang berbeda apabila diestimasi dengan metode yang berbeda karena setiap metode memiliki kemampuan yang berbeda dalam menyingkirkan keragaman genetik non-aditif dari keragaman genetik aditif. Faktor-faktor yang berpengaruh terhadap korelasi genetik antara lain sistem pemuliaan yang diterapkan dalam populasi, struktur data, dan metode estimasi.

E. Metode Estimasi Korelasi Genetik

Korelasi genetik dapat diestimasi dengan metode yang sama dengan metode estimasi heritabilitas, diantaranya metode peragam saudara-saudara tiri seapak, metode peragam pola tersarang, dan metode peragam regresi anak terhadap tetua. Korelasi genetik antara dua sifat diestimasi melalui prosedur statistik atau melalui seleksi untuk satu sifat selama periode tertentu dan mengamati apakah ada perubahan untuk sifat yang tidak diseleksi. Percobaan seleksi satu sifat

harus di-rancang dengan hati-hati dan akurat untuk mengetahui apakah ada dua sifat yang berkorelasi secara genetik. Buku ini membahas metode estimasi korelasi genetik secara statistik.

1. Metode hubungan saudara tiri sebapak (*one-way layout*)

Model dan prosedur analisis keragaman sama dengan estimasi heritabilitas namun ada dua sifat yang dianalisis yang dalam buku ini sifat pertama diberi lambang “X” dan sifat kedua dengan lambang “Y” sehingga terdapat keragaman antar-

pejantan pada sifat pertama ($\sigma_{S(X)}^2$) dan sifat kedua ($\sigma_{S(Y)}^2$) serta

keragaman antar- individu dalam pejantan pada sifat pertama ($\sigma_{W(X)}^2$)

dan sifat kedua ($\sigma_{W(Y)}^2$). Model ini mengestimasi korelasi genetik aditif

antara dua sifat berdasarkan komponen pejantan sehingga diperlukan data kinerja individu yang merupakan anak dari pejantan-pejantan. Individu-individu setiap pejantan tersebut memiliki hubungan saudara tiri sebapak dan tidak ada individu yang *inbreed* (individu tersilang dalam).

Model genetik

Model genetik pada estimasi korelasi genetik dengan metode hubungan saudara tiri sebapak terdapat pada Tabel 1.5.

Tabel 1.5 Model genetik pada estimasi korelasi genetik metode korelasi saudara tiri sebakpak.

Komponen peragam	Peragam genetik dan lingkungan						
	COV _A	COV _D	COV _{AA}	COV _{AD}	COV _{DD}	COV _{AAA}	COV _E
COV _w	$\frac{1}{4}$	0	$\frac{1}{16}$	0	0	$\frac{1}{64}$	0
COV _s	$\frac{3}{4}$	1	$\frac{15}{16}$	1	1	$\frac{63}{64}$	1

Tabel model genetik di atas menunjukkan bahwa peragam antarindividu mengandung peragam genetik aditif dalam proporsi yang lebih tinggi dan tidak terdapat peragam genetik dominan sehingga estimasi korelasi genetik dengan metode korelasi saudara tiri sebakpak memiliki bias yang rendah. Korelasi genetik pada dasarnya mengestimasi korelasi antara dua sifat yang disebabkan oleh aksi gen aditif.

Berdasarkan komponen genetik pada keragaman antarpejantan yang mengandung genetik nonaditif lebih tinggi daripada keragaman antarindividu, maka diperlukan upaya agar keragaman antarpejantan lebih rendah daripada keragaman antarindividu untuk menekan tingginya keragaman nonaditif. Hal tersebut ditempuh agar estimasi korelasi genetik yang diperoleh memiliki bias yang rendah sehingga akurat apabila digunakan dalam rumus-rumus pemuliaan.

Analisis peragam pada estimasi korelasi genetik

Analisis peragam seperti halnya analisis keragaman berfungsi untuk memperoleh peragam antarindividu dan pejantan yang digunakan untuk menghitung estimasi korelasi genetik. Analisis peragam tersebut tertera pada Tabel 2.5.

Tabel 2.5 Analisis peragam untuk estimasi korelasi genetik dengan metode *one-way layout* (korelasi saudara tiri sebakpak).

Sumber	d.f.	SSCP	MSCP	Komponen peragam
Pejantan	d.f. _(s) = s - 1	SSCP _s	MSCP _s	cov _w + kcov _s
Anak dalam pejantan	d.f. _(w) = n. - s	SSCP _w	MSCP _w	cov _w

Keterangan:

d.f._(s) = derajat bebas pejantan

s = jumlah pajantan

d.f._(w) = derajat bebas individu

n. = jumlah total individu

cov_s = peragam antar pejantan

cov_w = peragam antar anak dalam pejantan

k = koefisien peragam antarpejantan = banyaknya anak per pejantan

Rumus-rumus untuk menghitung analisis peragam dalam estimasi korelasi genetik terdapat pada Tabel 3.5.

$$MCP_w = \frac{SCP_w}{n. - s}$$

Berdasarkan tabel analisis peragam dapat diketahui bahwa:

$$MCP_s = cov_w + kcov_s$$

$MCP_w = cov_w$ sehingga dapat dicari besarnya nilai covs dengan rumus sebagai berikut:

$$cov_s = \frac{MCP_s - MP_w}{k} = \frac{MCP_s - cov_w}{k}$$

Tabel 3.5. Rumus-rumus untuk menghitung estimasi korelasi genetik.

Sumber keragaman	JHK = SCP	MHK = MCP
Faktor koreksi (FK)	$\frac{(X_{..})(Y_{..})}{n}$	
Pejantan (d.f. _(s) = s - 1)	$SCP_s = \sum_i \frac{(X_i)(Y_i)}{n_i} - FK$	$MCP_s = \frac{SCP_s}{s - 1}$
Anak dalam pejantan (d.f. _(w) = n. - s)	$SCP_w = \sum_i \sum_k X_{ik} Y_{ik} - \sum_i \frac{(X_i)(Y_i)}{n_i}$	$MCP_w = \frac{SCP_w}{n. - s}$

Keterangan:

JHK = jumlah hasil kali

SCP = *sum cross product*

MHK = *mean* hasil kali

MCP = *mean cross product*

Estimasi korelasi genetik (r_G) dihitung dengan rumus berikut:

$$r_G = \frac{4(\text{cov}_s)}{\sqrt{4\sigma_{s(x)}^2 4(\sigma_{s(y)}^2)}}$$

Nilai $\sigma_{s(x)}^2$ dan $\sigma_{s(y)}^2$ diperoleh melalui analisis keragaman estimasi heritabilitas masing-masing sifat yang akan diestimasi besarnya korelasi genetik.

Estimasi korelasi lingkungan (r_E) dihitung dengan rumus berikut:

$$r_E = \frac{\text{COV}_w + 3\text{COV}_s}{\sqrt{(\sigma_{w(x)}^2 - 3\sigma_{s(x)}^2)(\sigma_{w(y)}^2 - 3\sigma_{s(y)}^2)}}$$

Estimasi korelasi fenotipik (r_P) dihitung dengan rumus berikut:

$$r_P = \frac{\text{COV}_w + \text{COV}_s}{\sqrt{(\sigma_{w(x)}^2 + \sigma_{s(x)}^2)(\sigma_{w(y)}^2 + \sigma_{s(y)}^2)}}$$

Salah baku (*standard of error*) korelasi genetik (S.E.(r_G)) dinyatakan dalam rumus berikut:

$$\text{S.E.}(r_G) = \sqrt{\text{var}(r_G)}$$

Rumus var (r_g) yaitu:

$$\begin{aligned} \text{Var}(r_g) = & \frac{r_g^2}{L} [(a^2 \text{ var } MCP_s + b^2 \text{ var } MCP_w) / \text{cov}_{(xy)} 2] \\ & + [(a^2 \text{ var } MS_{s(x)} + b^2 \text{ var } MS_{w(x)}) / 4\sigma_x^2] + [(a^2 \text{ var } MS_{s(y)} + b^2 \text{ var } MS_{w(y)}) / 4\sigma_y^2] \\ & - [a^2 \text{ cov}(MS_{s(x)} MCP_s) + b^2 \text{ cov}(MS_{w(x)} MCP_w)] / \sigma_x^2 \text{ cov}_{xy} - [a^2 \text{ cov}(MS_{s(y)} MCP_s) \\ & + b^2 \text{ cov}(MS_{w(y)} MCP_w)] / \sigma_y^2 \text{ cov}_{xy} - [a^2 \text{ cov}(MS_{s(x)} MS_{s(y)}) + b^2 \text{ cov}(MS_{w(x)} MS_{w(y)})] / 2\sigma_x^2 \sigma_y^2 \end{aligned}$$

Rumus menghitung var MCP_g yaitu:

$$\text{var } MCP_g = [MS_{g(x)} MS_{g(y)} + MCP_g^2] / f_g + 2$$

Rumus menghitung peragam *mean square* yaitu:

$$\text{cov}(MS_{g(x)} MS_{g(y)}) = \frac{MCP_g}{f_g + 2}$$

Rumus untuk menghitung peragam MS dan MCP yaitu:

$$\text{cov}(MS_{g(x)} MCP_g) = \frac{2MS_{g(x)} MCP_g}{f_g + 2}$$

$$\text{cov}(MS_{g(y)} MCP_g) = \frac{2MS_{g(y)} MCP_g}{f_g + 2}$$

Koefisien L, a, b pada estimasi korelasi genetik (r_G), korelasi fenotipik (r_P), dan korelasi lingkungan (r_E) terdapat pada Tabel 4.5.

Tabel 4.5. Nilai koefisien pada rumus salah baku estimasi korelasi genetik, lingkungan, dan fenotipik.

Macam korelasi	Koefisien		
	L	A	b
korelasi genetik (r_G)	k	1	1
korelasi fenotipik (r_P)	k	3	k+3
korelasi lingkungan (r_E)	k	3	k-3

Penghitungan S.E.(r_G) seperti yang diuraikan di atas sangat rumit tetapi ada alternatif untuk penghitungan salah baku tersebut dengan rumus berikut:

$$S.E.(r_G) = \frac{1-r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{S.E.h_{(x)}^2 S.E.(h_{(y)}^2)}{h_{(x)}^2 h_{(y)}^2}}$$

Keterangan:

S.E._(x) = salah baku heritabilitas sifat x

S.E._(y) = salah baku heritabilitas sifat y

$h_{(x)}^2$ = heritabilitas sifat x

$h_{(y)}^2$ = heritabilitas sifat x

Contoh perhitungan estimasi korelasi genetik

Contoh perhitungan estimasi korelasi genetik dilakukan penulis (Sulastri, 2014) pada populasi kambing Boerawa untuk mengestimasi korelasi genetik antara berat lahir dan tinggi badan saat lahir. Data berat lahir dan tinggi badan saat lahir tersebut terdapat pada Tabel 5.5.

Tabel 5.5. Data berat lahir (X) dan tinggi badan saat lahir (Y) pada cempe Boerawa,

No	Berat lahir (kg) cempe anak dari pejantan ke-...,									No	Tinggi badan saat lahir (cm) anak pejantan ke- , , ,								
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX		I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
1	4,6	5,4	5,2	5,2	6,0	5,1	5,7	6,3	4,2	1	27,4	32,4	31,1	31,4	36,3	30,6	34,0	37,4	44,7
2	4,5	4,1	4,4	5,4	5,8	5,1	5,7	4,8	4,2	2	27,3	24,7	26,2	32,6	33,8	30,7	34,0	37,1	48,6
3	4,7	5,0	6,4	4,3	5,5	5,1	6,4	4,7	4,4	3	27,9	29,9	38,2	26,1	33,3	30,7	38,6	48,8	65,2
4	4,6	4,5	4,4	4,3	5,3	5,4	6,2	4,8	6,1	4	27,3	27,3	26,2	25,9	31,8	32,1	37,3	38,6	63,3
5	4,6	4,2	4,4	4,3	4,5	5,1	6,0	4,8	8,8	5	27,5	24,9	26,2	25,9	27,3	30,6	35,0	38,8	62,8
6	4,5	4,1	4,1	4,9	4,5	5,4	5,2	5,2	3,3	6	27,2	24,8	24,9	29,7	27,3	32,1	31,2	31,4	19,8
7	4,5	4,2	4,4	3,9	4,3	5,1	5,2	4,8	4,6	7	27,3	24,9	26,1	23,5	25,8	30,0	31,1	38,7	27,3
8	4,5	5,2	6,0	4,8	5,8	5,4	5,2	5,2	4,6	8	27,2	31,4	35,8	28,7	34,4	32,1	31,0	31,4	27,3
9	4,5	4,2	4,4	4,4	5,8	5,4	5,2	3,9	4,6	9	27,3	25,2	26,1	26,1	34,7	32,1	31,1	35,5	27,3
10	4,5	4,4	4,3	4,8	5,3	5,0	5,2	4,8	4,6	0	27,2	28,5	26,1	28,7	32,1	29,9	31,1	38,6	27,3
11	4,5	5,5	4,3	4,8	5,2	5,0	5,2	6,5	4,4	1	27,3	22,8	26,0	28,7	31,3	29,9	31,2	39,1	2,3
12	4,5	4,2	4,3	5,2	5,8	5,0	5,2	4,8	4,0	2	27,2	25,0	26,1	31,4	34,7	29,9	31,2	38,6	9,7

1 3	4 , 6	4 , 2	4 , 4	5 , 2	5 , 8	5 , 0	5 , 2	4, 3	5 , 4	1 3	27 ,3	2 5, 1	2 6, 1	31 ,2	3 4, 7	2 9, 9	31 ,4	2 6, 0	3 2, 3
1 4	4 , 6	4 , 1	4 , 3	5 , 3	5 , 8	5 , 0	5 , 2	4, 8	5 , 2	1 4	27 ,4	2 4, 8	2 6, 0	2 5, 9	3 4, 7	2 9, 9	31 ,1	2 8, 6	31 ,2
1 5	4 , 4	4 , 1	6 , 9	3 , 6	3 , 8	3 , 1	4 , 2	5 , 2	5 , 3	6, 2	1 5	6, 7	4, 8	41 ,3	21 ,4	2, 5	4, 6	31 ,1	8, 0, 9
1 6	4 , 6	4 , 6	4 , 4	4 , 3	3 , 6	4 , 2	4 , 2	5 , 2	5 , 8	1 4	27 ,4	27 ,4	2 6, 1	2 5, 9	21 ,7	2 5, 2	31 ,1	8, 7	2, 2
1 7	4 , 6	4 , 1	3 , 8	4 , 4	3 , 6	4 , 6	4 , 6	5 , 2	5 , 5	3, 4	1 7	27 ,5	2 4, 8	2 6, 8	21 ,6	27 ,4	31 ,1	21 ,2	2, 2
1 8	5 , 0	4 , 5	4 , 4	4 , 4	4 , 1	4 , 3	4 , 2	4 , 3	3, 9	1 8	9, 7	6, 9	6, 1	6, 2	4, 3	5, 5	5, 1	19 ,6	3, 2
1 9	4 , 5	4 , 2	4 , 2	3 , 6	3 , 1	4 , 1	4 , 1	3, 2	5 , 8	1 4	27 ,2	5, 2	5, 0	21 ,5	4, 5	4, 6	5, 2	2, 6	2, 2
2 0	4 , 5	4 , 0	3 , 9	3 , 9	3 , 8	3 , 1	3 , 7	4, 0	5 , 4	2 0	27 ,2	3, 9	3, 2	3, 1	2, 8	4, 7	2, 2	4, 0	2, 2
2 1	5 , 0	4 , 1	3 , 9	4 , 3	4 , 0	4 , 1	4 , 7	3 , 8	4, 1	6 1	2 8	9, 8	4, 8	3, 2	5, 9	4, 6	4, 2	2, 6	8, 6, 7
2 2	4 , 2	4 , 1	3 , 9	4 , 4	3 , 1	3 , 9	3 , 9	4, 7	5 , 7	2 2	5, 5	4, 5	3, 2	6, 6	4, 3	3, 1	3, 7	8, 5	0, 7
2 3	4 , 2	4 , 3	3 , 6	4 , 3	4 , 8	3 , 9	3 , 7	4, 1	4, 6	2 3	5, 5	6, 0	21 ,7	5, 9	8, 5	3, 2	8, 5	4, 8	27 ,7
2 4	3 , 4	4 , 6	3 , 6	6 , 4	5 , 8	3 , 5	3 , 1	4, 3	4, 1	4 4	2 5	2, 7	27 ,7	21 ,7	8, 2	4, 5	21 ,3	4, 7	5, 9, 4
2 5	4 , 0	4 , 3	3 , 4	5 , 2	3 , 8	6 , 0	6 , 4	6, 0	4 , 1	2 5	3, 8	5, 6	0, 2	31 ,5	2, 5	5, 9	8, 5	6, 1	4, 4
2 6	4 , 1	4 , 5	3 , 6	5 , 0	5 , 9	4 , 7	4 , 6	4, 6	4, 7	2 4	4, 6	27 ,1	3, 6	3 0, 1	2 9, 6	8, 5	27 ,4	6, 5	8, 5
2 7	4 , 4	4 , 4	5 , 5	5 , 4	4 , 4	4 , 4	4 , 4	4, 4	4, 4	2 2	27 ,27	27 ,3	3 3, 2	3 3, 2	2 2, 2	2 2, 2	27 ,27	2 2, 2	2 2, 2

7	,	,	,	,	,	,	,	4	,	7	,4	,3	3,	0,	9,	8,	,4	6,	8,
	6	6	6	0	9	8	6		8				6	1	6	6		4	6
2	4	4	5	5	4	4	4		4		2		3	3	2	2		2	2
8	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	2	5,	27	3,	0,	9,	8,	27	6,	8,
	2	5	6	0	9	8	6	4	8	8	0	,2	5	0	6	6	,4	2	8
2	4	4	5	5	4	4	4		4		2		3	3	2	2		2	2
9	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	2	5,	27	3,	0,	9,	8,	27	6,	8,
	2	6	6	0	9	8	6	4	8	9	3	,4	7	1	6	8	,4	2	6
3	4	4	5	5	4	4	4		4		2		3	3	2	2		2	2
0	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	3	4,	27	3,	0,	9,	8,	27	6,	9,
	2	5	6	0	9	8	6	3	9	0	9	,1	4	0	6	7	,4	0	3
3	4	,	,	,	,	,	,	4,	4	3	4,	27	0,	0,	9,	8,	27	6,	8,
1	,1	5	0	0	9	8	6	4	,7	1	9	,1	1	0	6	7	,5	2	5
3	4	4		6	4	4	4		4		2		3	3	2	2		2	2
2	,	,	5	,	,	,	,	4,	,	3	8,	27	0,	6,	9,	8,	27	6,	8,
	7	5	,1	0	9	8	6	4	8	2	2	,1	5	0	6	7	,5	2	6
3	4	,	5	,	,	,	,	4,	,	3	4,	27	0,	5,	9,	8,	27	6,	8,
3	,1	5	,1	0	9	8	5	4	8	3	8	,1	4	9	6	6	,3	1	7
3	4	4		6	4	4	4		4		2		3	3	2	2		2	2
4	,	,	5	,	,	,	,	4,	,	3	5,	27	0,	5,	9,	8,	27	6,	8,
	2	5	,1	0	9	8	5	3	8	4	0	,1	4	9	6	6	,3	0	7
3	4	5	4	4	4	4	4		4		2	2	2	2	2	2		2	2
5	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	3	5,	9,	9,	4,	9,	8,	27	6,	8,
	3	0	8	0	9	8	5	3	8	5	7	7	1	3	6	6	,2	0	7
3	4	,	,	,	,	,	,	4,	4	3	4,	27	27	5,	9,	6,	27	6,	8,
6	,1	6	6	0	9	4	6	3	,7	6	9	,4	,5	9	6	6	,4	0	5
3	4	3	4	6	4	4	4		4		2	2	2	3	2	2		2	2
7	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	3	4,	3,	8,	5,	9,	5,	27	6,	8,
	2	9	8	0	9	2	6	4	8	7	9	6	9	9	6	1	,4	3	7
3	4	4		6	4	4	4		4				3	3	2	2		2	2
8	,	,	5	,	,	,	,	4,	4	3	27	27	0,	5,	6,	3,	27	6,	8,
	6	5	,1	0	4	0	6	4	,7	8	,6	,1	4	9	7	7	,8	5	5
3	5	4	4	6	5	4	4		4		3		2	3		2		2	2
9	,	,	,	,	,	,	,	4,	,	3	0,	27	6,	6,	31	8,	27	27	8,
	0	5	5	0	2	8	6	5	8	9	0	,1	8	1	,0	8	,5	,1	6
4	5	4	5	6	5	4		4		3			3	3		2	2	2	2
0	,	,	,	,	,	,	4	4,	,	4	0,	27	3,	6,	31	8,	8,	6,	8,
	0	5	6	0	2	8	,7	4	8	0	0	,1	6	1	,0	7	2	1	5
4	4	3	5	6	5	4	4	4,	4	4	2	2	3	3	3	2	27	2	2
1	,1	,	,	,1	,	,		1	,	1	4,	3,	3,	5,	0,	8,	,5	4,	8,

		9	5	0		8	6		8		8	3	1	9	9	6		4	5
4	4	5	5	4	6	4	5		4		2	3			3	2	3	2	2
2	,4	,5	,2	,6	,4	,8	,0	4	,5	4	6,	3,	21	27	8,	8,	0,	6,	6,
													,2	,4	5	6	0	2	7
4	4	5	5	5	6	4	4		4		2	3	2	3	3	3	2	2	2
3	,4	,0	,0	,0	,4	,8	,3	4,	,3	4	6,	0,	0,	0,	8,	8,	5,	5,	9,
4	4	3	5	5	3		4		4		2	2	3	3		3	2	2	2
4	,4	,9	,0	,0	,5	,7	,0	4,	,4	4	6,	3,	0,	0,	21	8,	3,	6,	8,
4	4		3		6		4				2	2		2	3	3		2	2
5	,4	,1	,5	,1	,4	,7	,6	4,	,7	4	6,	4,	21	4,	8,	8,	27	6,	8,
4	4	5		4	6	3	4				2	3	3	2	3	3		2	2
6	,3	,5	,1	,0	,4	,9	,6	4,	,7	4	5,	3,	0,	3,	8,	3,	27	6,	2,
4	4	5		4	3		4		3		2	2	3		2	2	2	2	2
7	,1	,0	,1	,6	,5	,7	,2	4,	,1	4	4,	9,	0,	27	21	8,	5,	4,	2,
4	4	4	3	4	4	4	4		4		2	2	3	2	2	2		2	2
8	,3	,0	,6	,3	,4	,0	,6	3,	,6	4	5,	4,	2,	6,	6,	3,	27	21	8,
4	4	5	4	4	3		4		4		2	2	2	2		2	2	2	2
9	,2	,0	,8	,8	,5	,7	,3	4,	,4	4	5,	9,	9,	8,	21	8,	5,	6,	8,
5	3	5	5	5	3	3	3		4		2	2	3	2	2		2	2	2
0	,8	,0	,2	,0	,9	,5	,6	4,	,8	5	3,	9,	0,	9,	3,	21	21	6,	8,

Berat lahir masing-masing individu dikalikan dengan tinggi badan saat lahir untuk memperoleh nilai jumlah hasil kali atau *sum cross product* (SCP) sebagaimana terdapat pada Tabel 6.5.

Tabel 6.5. Hasil kali berat lahir dan tinggi badan saat lahir pada cempè Boerawa.

Hasil kali berat lahir dan tinggi badan saat lahir anak dari pejantan ke- , , ,									
I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	
124,95	175,21	161,01	163,87	219,06	156,4	192,32	236,76	103,64	
124	101,3	114,67	177,22	201,31	156,64	193,72	136,02	103,64	
129,8	149,03	243,58	113,16	184,31	156,75	248,35	135,23	114,67	
124,62	124	114,67	111,53	168,06	172,18	231,93	136,45	220,16	
125,72	103,64	114,67	111,55	123,8	156,33	213,65	136,48	86,98	
123,74	102,51	102,96	146,54	123,8	171,95	162,6	164,13	65,64	
123,86	103,64	113,59	92,01	110,71	156,33	160,89	137,06	124,62	
123,66	164,46	213,89	137,74	200,73	172,03	159,77	164,03	124,62	
124,06	105,62	113,65	113,64	200,33	172,02	161,11	92,07	124,62	
123,75	246,41	113,11	137,07	171,39	149,08	161,14	136,49	124,62	
123,87	179,55	112,89	137,31	163,32	149,08	162,18	255,04	174,23	
123,75	103,87	113,23	164,29	200,39	148,61	162,04	136,54	147,13	
124,61	104,79	113,7	162,53	201,2	148,61	163,96	112,67	174,16	
124,87	102,84	112,93	111,49	200,4	149,38	160,9	136,51	162,27	
118,54	102,84	283,91	76,38	84,57	101,06	160,9	240,65	159,46	
125,47	125,32	113,89	111,8	78,3	105,43	160,9	137,71	172,77	
125,86	102,35	86,38	113,99	77,44	124,86	160,9	74,93	173,25	
147,17	120,22	113,91	113,99	98,44	108,43	104,76	64,1	90,03	
123,75	106,15	104,27	76,98	100,12	101,08	105,71	85,21	173,25	
123,75	95,2	89,74	89,14	86,55	101,9	82,03	96,16	173,25	
148,5	102,5	89,74	111,5	97,45	101,08	82,03	136,02	224,99	
108,36	99,99	89,74	117,94	98,54	89,18	93,5	135,37	157,51	
108,36	112,26	78,51	111,85	135,62	89,35	135,17	102,28	127,9	
84,36	128,03	78,51	243,72	198,67	75,53	101,3	111,46	98,91	
94,58	109,31	68,04	165,09	84,57	214,39	246,49	217,38	98,91	
102,77	122,48	188,63	151,05	145,69	135,13	124,93	117,32	135,23	
125,57	124,4	187,78	151,19	145,69	136,47	125,35	116,25	136,48	
103,98	123,67	187,55	150,11	145,69	136,42	125,48	114,53	137,8	
106,85	124,8	189,57	151,49	145,69	137,86	124,94	114,66	136,55	
103,54	122,5	186,18	150,23	145,69	137,61	125,12	112,81	142,92	
103,31	122,42	150,64	150,36	145,69	136,82	126,19	114,67	135,21	
132,56	122,42	155,36	215,61	145,69	136,81	126,38	114,41	136,56	
102,6	122,78	154,41	214,87	145,69	136,51	123,83	113,61	136,95	
104,21	122,81	154,41	214,86	145,69	136,49	123,82	112,71	137,32	
109,97	147,39	140,79	98,33	145,69	136,28	123,74	112,7	137,44	
103,11	124,92	125,62	214,98	145,69	117,99	124,91	112,76	135,15	
103,44	92,76	139,45	215,12	145,69	105,04	124,95	115,14	137,45	
127,28	122,54	154,28	214,85	118,39	93,91	128,53	117,21	135,37	
150,25	122,52	119,88	217,08	160,29	138,3	126,31	122,25	136,52	
150,27	122,46	188,64	217,28	160,48	137,21	132,35	113,87	135,38	
102,25	90,84	182,15	214,85	159,02	136,27	126,01	99,21	135,64	

114,03	184,09	110,19	125,28	247,28	136,49	149,78	114,42	119,21	
113,88	152,37	101,76	151,87	247,32	183,17	109,59	111,8	144,4	
120,44	91,03	150,58	151,74	75,3	182,87	94,96	113,9	136,27	
115,08	103,33	74,59	98,52	247,23	182,71	125,13	113,91	135,15	
110,26	182,93	155,75	94,38	248,95	132,23	125,73	113,9	82,38	
103,31	147,28	156,92	124,36	75,35	135,37	108,19	101,52	84,41	
109,09	96,93	114,86	112,75	117,17	94,52	124,94	76,27	137,86	
105,71	147,38	140,84	135,76	75,3	135,24	108,55	115,09	137,73	
88,23	148,72	159,62	149,14	93,21	74,35	76,19	113,69	137,71	
5,865,96	6,256,8	6,825,62	7,298,39	7,382,58	6,779,72	7,004,17	6,315,36	6,804,32	60,532,93

Komponen-komponen yang perlu dihitung untuk memperoleh nilai peragam antarpejantan pada sifat berat lahir (X) dan tinggi badan saat lahir (Y) terdapat pada Tabel 37.

Tabel 7.5 Komponen dalam perhitungan estimasi korelasi genetik.

Pejantan	X,	$\sum_i \frac{X_i^2}{n}$	Y,	$\sum_i \frac{Y_i^2}{n}$	N	$\sum_i \frac{X_i Y_i}{n}$
I	220,7	973,93	1.324,0	35.061,60	50	5.843,6
II	226,9	1.030,00	1.361,6	37.080,10	50	6.180,0
III	236,6	1.119,78	1.410,7	39.802,63	50	6.676,1
IV	244,0	1.190,67	1.464,0	42.864,31	50	7.144,1
V	244,5	1.195,73	1.467,1	43.046,17	50	7.174,4
VI	233,1	1.087,01	1.438,8	41.402,55	50	6.708,6
VII	239,5	1.146,93	1.436,8	41.289,54	50	6.881,6
VIII	227,2	1.032,49	1.363,3	37.169,75	50	6.195,0
IX	236,6	1.119,63	1.419,6	40.306,61	50	6.717,8
Jumlah	2.109,15	9.896,18	12.685,93	358.023,26		59.521,0

$$FK = \frac{X.Y.}{n} = \frac{(2.109,15)(12.685,93)}{450} = 59.459,14$$

$$SCP_s = \sum_i \frac{X_i \cdot Y_i}{n} - FK = 59.521,0 - 59.459,14 = 61,88$$

$$SCP_w = \sum_i \sum_k X_{ik} Y_{ik} - \sum_i \frac{X_i \cdot Y_i}{n} = 60.532,93 - 59.521,0 = 1.011,90$$

Analisis peragam untuk estimasi korelasi genetik terdapat pada Tabel 8.5.

Tabel 8.5 Analisis peragam untuk estimasi korelasi genetik antara berat lahir dan tinggi badan saat lahir.

Sumber	d.f.	SCP	MCP	Komponen peragam
Pejantan	d.f. (s) = 9 - 1 = 8	SCP _s = 61,88	MCP _s = 7,73	cov _w + 50cov _s
Anak dalam pejantan	d.f. (w) = n. - s 450 - 9 = 441	SCP _w = 1.011, 90	MCP _w = 2,29	cov _w

Berdasarkan Tabel analisis peragam, maka dapat dihitung MSCP yaitu sebesar SSCP/s-1 dan nilainya sama dengan cov_w + 50cov_s, sehingga dapat dihitung cov_s dengan rumus sebagai berikut:

$$MCP_s = cov_s + 50 cov_w$$

$$MCP_w = cov_w$$

$$cov_s = \frac{MCP_s - MCP_w}{50} = \frac{7,73 - 2,29}{50} = 0,1088$$

Estimasi korelasi genetik antara berat lahir dan tinggi badan saat lahir cempoe Boerawa dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$r_G = \frac{4(cov_s)}{\sqrt{4\sigma_{s(x)}^2 4(\sigma_{s(y)}^2)}}$$

Tabulasi hasil perhitungan nilai keragaman berat lahir dan tinggi badan saat lahir cempoe Boerawa terdapat pada Tabel 9.5.

Tabel 9.5. Hasil perhitungan keragaman dan heritabilitas pada berat lahir dan tinggi badan saat lahir.

Rumus	Berat lahir (X)	Tinggi badan saat lahir (Y)
n.	450	450
S	9	9
Y _{..}	2.109,15	12.685,93
Y ² _{..}	(2.109,15) ²	(12.685,93) ²
FK	9.885,6405	357.628,8
$\sum_i \sum_k Y_{ik}^2$	10.069,02	364.628,9
SSs	10,5448	394,5002
d.f.(s)	8	8
MSs	1,3181	49,3125
SSw	172,8303	6605,62
d.f.(w)	441	441
MSw = σ_w^2	0,3919	14,9787
K	50	50
σ_s^2	0,0185	0,6867
h_s^2	0,1805	0,1753
S.E.(h_s^2)	0,0386	0,1216

$$\sigma_{s(x)}^2 = 0,0185$$

$$\sigma_{s(y)}^2 = 0,6867$$

$$r_G = \frac{4(\text{cov}_s)}{\sqrt{4\sigma_{s(x)}^2 4(\sigma_{s(y)}^2)}} = \frac{4(0,1088)}{\sqrt{4(0,0185)4(0,6867)}} = 0,9655$$

Salah baku r_G dihitung dengan rumus berikut:

$$S.E.(r_G) = \frac{1 - r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{S.E.h_{(x)}^2 S.E.(h_{(y)}^2)}{h_{(x)}^2 h_{(y)}^2}}$$

$$h_{s(x)} = 0,1805 \qquad S.E.(h_{s(x)}^2) = 0,0386$$

$$h_{s(y)} = 0,1753 \qquad S.E.(h_{s(y)}^2) = 0,1216$$

$$S.E.(r_G) = \frac{1 - (0,9655)^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(0,0386)(0,1216)}{(0,1805)(0,1753)}} = 0,0184$$

Estimasi korelasi genetik antara berat lahir dan tinggi badan saat lahir cempes Boerawa: $r_G = 0,9655 \pm 0,0184$

Estimasi korelasi genetik tersebut termasuk kelas tinggi dengan nilai positif sehingga seleksi untuk meningkatkan berat lahir dapat meningkatkan tinggi badan saat lahir pada cempes Boerawa.

2. Metode regresi anak terhadap tetua (*offspring-parent regression method*)

Metode regresi anak terhadap tetua untuk estimasi korelasi genetik sama dengan pada estimasi heritabilitas tetapi pada estimasi korelasi genetik melibatkan dua sifat untuk kelompok anak maupun tetua. Metode ini dapat digunakan apabila terdapat catatan kinerja anak dan tetua untuk dua sifat yang nilai korelasi genetik akan diestimasi. Huruf x atau X merupakan kinerja tetua, huruf y atau Y merupakan kinerja anak, angka 1 menunjukkan sifat pertama dan angka 2 menunjukkan sifat kedua. Tetua yang dimaksud dapat tetua jantan (pejantan) atau tetua betina (induk). Namun demikian, data kinerja sebaiknya menggunakan data yang berasal dari tetua jantan daripada induk karena tetua jantan hanya mewariskan gen-gen aditif pada anak-

anaknya tanpa pengaruh gen nonaditif sehingga korelasi genetik yang diestimasi memiliki bias yang rendah.

Model statistik

Model statistik untuk estimasi korelasi genetik dengan metode regresi anak terhadap tetua adalah:

$$\sum xy = \sum XY - \frac{(\sum X)(\sum Y)}{n} \quad \rightarrow \quad \text{cov}_{xy} = \frac{\sum xy}{n-1}$$

Keterangan:

$\sum xy$ = korelasi genetik antara kinerja pada x dan y (huruf x dan y kecil menunjukkan nilai yang sudah terkoreksi oleh beberapa faktor non genetik)

X = kinerja tetua

Y = kinerja anak

n = jumlah pasangan tetua-anak

Peragam (*covariance*) antara kinerja sifat pertama tetua (X_1) dan sifat kedua induk (X_2), sifat pertama anak (Y_1), dan sifat kedua anak (Y_2) yang digunakan dalam penghitungan estimasi korelasi genetik sebagai berikut:

$\text{cov}_{X_1Y_2}$ = *covariance* (peragam) sifat pertama tetua dan sifat kedua anak

$\text{cov}_{X_2Y_1}$ = *covariance* (peragam) sifat kedua tetua dan sifat pertama anak

$\text{cov}_{X_1Y_1}$ = *covariance* (peragam) sifat pertama tetua dan anak

$\text{cov}_{X_2Y_2}$ = *covariance* (peragam) sifat kedua tetua dan anak

Model genetik

Model genetik estimasi korelasi genetic terdapat pada Tabel 10.5.

Tabel 11.5. Model genetik estimasi korelasi genetik dengan metode regresi anak terhadap tetua.

Sumber	COV_A	COV_D	COV_{AA}	COV_{AD}	COV_{DD}	COV_{AAA}	COV_E
$COV_{X_1Y_2}$	$\frac{1}{2}$	0	$\frac{1}{4}$	0	0	0	0

Keterangan:

$COV_{X_1Y_2}$ = peragam kinerja tetua pada sifat pertama (X_1) dengan kinerja anak pada sifat kedua (Y_2)

A = gen aditif,

D = gen dominan,

E = lingkungan

Rumus korelasi genetik

Rumus korelasi genetik ada beberapa macam yaitu rumus berdasarkan metode aritmatika/geometris dan rumus umum korelasi genetik. Mahasiswa disarankan menggunakan rumus umum; apabila hasilnya tidak berada dalam kisaran normal maka dapat dipilih metode aritmatika atau geometris.

a. Metode aritmatika

Rumus korelasi genetik dengan metode aritmatika yaitu:

$$r_g = \frac{\text{COV}_{X_1Y_2} + \text{COV}_{X_2Y_1}}{(2)\sqrt{\text{COV}_{X_1Y_1} \text{COV}_{X_2Y_2}}}$$

Rumus korelasi genetik dengan metode geometris yaitu:

$$r_g = \sqrt{\frac{\text{COV}_{X_1Y_2} \text{COV}_{X_2Y_1}}{\text{COV}_{X_1Y_1} \text{COV}_{X_2Y_2}}}$$

Rumus umum korelasi genetik yaitu:

$$r_g = \frac{\sum x_1y_2 + \sum x_2y_1}{\sqrt{\sum x_1y_1 + \sum x_2y_2}}$$

Rumus salah baku atau *standard of error* (S.E) korelasi genetik (r_g) yaitu:

$$\text{S.E.}(r_g) = \frac{1 - r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(\text{S.E.}h_1^2)(\text{S.E.}h_2^2)}{h_1^2h_2^2}}$$

Rumus untuk menghitung komponen dalam perhitungan estimasi korelasi genetik yaitu:

$$\sum x_1y_2 = \sum X_1Y_2 - \frac{\sum X_1 \sum Y_2}{n}$$

$$\sum x_2y_1 = \sum X_2Y_1 - \frac{\sum X_2 \sum Y_1}{n}$$

$$\sum x_1y_1 = \sum X_1Y_1 - \frac{\sum X_1 \sum Y_1}{n}$$

$$\sum x_2y_2 = \sum X_2Y_2 - \frac{\sum X_2 \sum Y_2}{n}$$

Contoh soal

Korelasi genetik antara berat sapih dan dalam dada kambing Kacang diestimasi berdasarkan catatan kinerja pasangan anak dan tetua jantannya dengan metode regresi anak terhadap tetua jantan. Data berat sapih kambing Kacang yang diguna-kan untuk estimasi

merupakan data yang digunakan dalam estimasi heritabilitas dengan metode regresi anak terhadap tetua pada Tabel 21. Data berat sapih tetua jantan dinyatakan sebagai X_1 dan berat sapih anak dinyatakan sebagai Y_1 . Data dalam dada tetua jantan dinyatakan sebagai X_2 dan pada anak sebagai Y_2 . Data tersebut tertera pada Tabel 12.5.

Tabel 12.5 Data berat sapih dan dalam dada pasangan tetua jantan dan anak kambing Kacang.

No.	Berat sapih (kg)		Dalam dada (cm)	
	Tetua (X_1)	Anak (Y_1)	Tetua (X_2)	Anak (Y_2)
1	6	9	20	21
2	7	8	20	21
3	8	10	22	21
4	8	9	19	21
5	8	10	22	25
6	8	9	22	21
7	8	9	23	21
8	9	10	23	20
9	9	10	23	20
10	9	10	20	25
11	9	10	26	25
12	9	11	19	20
13	10	10	19	19
14	10	10	28	26
15	10	11	20	20
16	10	9	20	23
17	10	10	20	25

Penyelesaian:

Kolom pada Tabel 41 dapat ditambahkan untuk menempatkan hasil perkalian antara X_1 , Y_1 , X_2 , dan Y_2 sehingga diperoleh peragam X_1Y_1 , X_2Y_2 , X_1Y_2 , X_2Y_1 sebagaimana terdapat pada Tabel 42. Huruf X dan Y besar

melambangkan nilai-nilai yang belum dikurangi faktor koreksi (FK) sedangkan huruf x dan y kecil melambangkan nilai yang sudah dikurangi dengan faktor koreksi.

Berdasarkan Tabel 12.5 diperoleh hasil perhitungan peragam sebagai berikut:

a. $\sum X_1Y_1 = 1.445$

Faktor koreksi (FK) untuk $\sum X_1Y_1 = \frac{(\sum X_1)(\sum Y_1)}{n} = \frac{(148)(165)}{17} = 1.436,4706$

$\sum x_1y_1 = \sum X_1Y_1 - FK = 1.445 - 1.436,4706 = 8,5294$

b. $\sum X_1Y_2 = 3.265$

Faktor koreksi (FK) untuk $\sum X_1Y_2 = \frac{(\sum X_1)(\sum Y_2)}{n} = \frac{(148)(374)}{17} = 3.256$

$\sum x_1y_2 = \sum X_1Y_2 - FK = 3.265 - 3.256 = 9,0000$

Tabel 13.5. Penghitungan komponen korelasi genetik antara berat sapih dan dalam dada kambing Kacang untuk estimasi korelasi genetik dengan metode regresi anak terhadap tetua.

No.	Berat sapih		Dalam dada		Peragam			
	X ₁	Y ₁	X ₂	Y ₂	X ₁ Y ₁	X ₁ Y ₂	X ₂ Y ₁	X ₂ Y ₂
1	6	9	20	21	54	126	180	420
2	7	8	20	21	56	147	160	420
3	8	10	22	21	80	168	220	462
4	8	9	19	21	72	168	171	399
5	8	10	22	25	80	200	220	550
6	8	9	22	21	72	168	198	462
7	8	9	23	21	72	168	207	483
8	9	10	23	20	90	180	230	460
9	9	10	23	20	90	180	230	460

10	9	10	20	25	90	225	200	500
11	9	10	26	25	90	225	260	650
12	9	11	19	20	99	180	209	380
13	10	10	19	19	100	190	190	361
14	10	10	28	26	100	260	280	728
15	10	11	20	20	110	200	220	400
16	10	9	20	23	90	230	180	460
17	10	10	20	25	100	250	200	500
Jumlah	148	165	366	374	1.445	3.265	3.555	8.095

c. $\sum X_2 Y_1 = 3.555$

Faktor koreksi (FK) untuk $\sum X_2 Y_1 = \frac{(\sum X_2)(\sum Y_1)}{n} = \frac{(366)(165)}{17} = 3.552,3529$

$\sum x_2 y_1 = \sum X_2 Y_1 - FK = 3.555 - 3.552,3529 = 2,6471$

d. $\sum X_2 Y_2 = 8.095$

Faktor koreksi (FK) untuk $\sum X_2 Y_2 = \frac{(\sum X_2)(\sum Y_2)}{n} = \frac{(366)(374)}{17} = 8.052,0000$

$\sum x_2 y_2 = \sum X_2 Y_2 - FK = 8.095,0000 - 8.052,0000 = 43,0000$

Korelasi genetik ($=r_G$) dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$r_g = \frac{\sum x_1 y_2 + \sum x_2 y_1}{\sqrt{\sum x_1 y_1 + \sum x_2 y_2}} = \frac{9,0000 + 2,6471}{\sqrt{8,5294 + 49,0000}} = 0,8112$$

Salah baku atau *standard of error* korelasi genetik (S.E.(r_G)) dihitung dengan rumus berikut:

$$S.E.(r_G) = \frac{1-r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(S.E.h_1^2)(S.E.h_2^2)}{h_1^2 h_2^2}}$$

Penghitungan S.E.(r_G) tersebut memerlukan informasi salah baku heritabilitas sifat pertama dan kedua sehingga masing-masing sifat harus sudah memiliki nilai heritabilitas dan salah bakunya. Heritabilitas dan salah baku sifat pertama (berat sapih) pada contoh soal tersebut sudah diestimasi pada bagian heritabilitas (Tabel 21) dengan hasil estimasi heritabilitas berat sapih kambing Kacang 0,7923 ± 0,3362.

Estimasi heritabilitas dalam dada kambing Kacang dilakukan dengan metode regresi anak terhadap tetua yang datanya terdapat pada Tabel 43. Tabel tersebut ditambah dengan kolom-kolom yang digunakan untuk membantu menghitung X_2^2 , Y_2^2 , dan X_2Y_2 .

$$a. \sum X_2^2 = 7.982,0000 \quad FK = \frac{366^2}{17} = 7.879,7647$$

$$\sum x_2^2 = \sum X_2^2 - FK = 7.982,0000 - 7.879,7647 = 102,2353$$

$$b. \sum Y_2^2 = 8.312,0000 \quad FK = \frac{374^2}{17} = 8.228,0000$$

$$\sum y_2^2 = \sum Y_2^2 - FK = 8.312,0000 - 8.228,0000 = 84,0000$$

$$c. \sum X_2Y_2 = 8.095,0000 \quad FK = \frac{(\sum X_2)(\sum Y_2)}{n} = \frac{(366)(374)}{17} = 8.052,0000$$

$$\sum x_2y_2 = 8.095,0000 - 8.052,0000 = 43,0000$$

Menghitung b:

$$b = \frac{\sum x_2y_2}{\sum x_2^2} = \frac{43}{103,2353} = 0,4206$$

Tabel 14.5. Data dalam dada kambing Kacang dan komponen keragaman serta peragam untuk estimasi heritabilitas.

No.	Dalam dada		Keragaman		Peragam
	Tetua (X_2)	Anak (Y_2)	X_2^2	Y_2^2	X_2Y_2
1	20	21	400	441	420
1	20	21	400	441	420
3	22	21	484	441	462
4	19	21	361	441	399
5	22	25	484	625	550
6	22	21	484	441	462
7	23	21	529	441	483
8	23	20	529	400	460
9	23	20	529	400	460
10	20	25	400	625	500
11	26	25	676	625	650
12	19	20	361	400	380
13	19	19	361	361	361
14	28	26	784	676	728
15	20	20	400	400	400
16	20	23	400	529	460
17	20	25	400	625	500
Jumlah	366	374	7.982	8.312	8.095

Menghitung estimasi heritabilitas dalam dada kambing Kacang dengan rumus berikut: $h^2 = 2b = (2) (0,4206) = 0,8412$

Menghitung S.E.(h^2) dalam dada kambing Kacang dengan rumus berikut:

$$S.E.(h^2) = (2)(S.E.(b))$$

$$S.E.(b) = \sqrt{\frac{s_b^2}{\sum x^2}}$$

$$s_b^2 = \frac{\sum y^2 - \frac{(\sum xy)^2}{\sum x^2}}{n-2} = \frac{84,00 - \frac{(43,0000)^2}{102,2353}}{17-2} = 4,3943$$

$$S.E.(b) = \sqrt{\frac{s_b^2}{\sum x^2}} = \sqrt{\frac{(4,3943)^2}{102,2353}} = 0,2073$$

$$S.E.(h^2) = (2) (S.E.(b)) = (2) (0,2073) = 0,4146$$

Estimasi h^2 dalam dada kambing Kacang = $0,8412 \pm 0,4146$.

Estimasi h^2 dan S.E. (h^2) berat sapih dan dalam dada digunakan untuk menghitung S.E.(r_G) dengan rumus berikut:

$$S.E.(r_G) = \frac{1-r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(S.E.h_1^2)(S.E.h_2^2)}{h_1^2 h_2^2}}$$

Nilai h^2 berat sapih hasil estimasi berdasarkan Tabel 21: $0,7923 \pm 0,3362$

Nilai h^2 dalam dada hasil estimasi berdasarkan Tabel 43: $0,8412 \pm 0,4146$

Nilai r_G berat sapih dan dalam dada berdasarkan Tabel 41: $0,8112$

Salah baku r_G dihitung dengan rumus berikut:

$$S.E.(r_G) = \frac{1-r_G^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(S.E.h_1^2)(S.E.h_2^2)}{h_1^2 h_2^2}}$$

$$S.E.(r_G) = \frac{1-(0,8112)^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(0,3362)(0,4146)}{(0,7923)(0,8412)}} = 0,1105$$

Estimasi korelasi genetik(r_G) berat sapih dengan dalam dada kambing Kacang dengan metode regresi anak terhadap tetua sebesar $0,8112 \pm 0,1105$.

F. Hasil Penelitian tentang Korelasi Genetik

Hasil penelitian penulis tentang korelasi genetik antara berat badan dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir, sapih, dan umur setahun pada kambing PE di Kelompok Tani Margarini, Desa Sungai Langka terdapat pada Tabel 15.5.

Tabel 15.5. Estimasi korelasi genetik antara berat badan dan ukuran-ukuran tubuh pada kambing Boerawa di Kelompok Tani Margarini.

No.	Sifat	Tahapan umur		
		Berat Lahir	Berat Sapih	Berat Setahunan
1	Lahir			
	Berat badan	1,00		
	Tinggi badan	0,23±0,07		
	Panjang badan	0,25±0,02		
	Lingkar dada	0,23±0,03		
	Tinggi pinggul	0,21±0,12		
	Panjang telinga	0,20±0,05		
	Lebar telinga	0,20±0,07		
2	Sapih			
	Berat badan	0,19±0,09	1,00	
	Tinggi badan	0,17±0,01	0,25±0,09	
	Panjang badan	0,18±0,17	0,24±0,07	
	Lingkar dada	0,18±0,13	0,26±0,06	
	Tinggi pinggul	0,18±0,07	0,26±0,10	
	Panjang telinga	0,10±0,05	0,18±0,10	
	Lebar telinga	0,09±0,05	0,17±0,08	
3	Setahunan			

	Berat badan	0,10±0,01	0,22±0,05	1,00
	Tinggi badan	0,07±0,02	0,21±0,05	0,23±0,07
	Panjang badan	0,09±0,03	0,20±0,10	0,25±0,02
	Lingkar dada	0,08±0,02	0,20±0,08	0,23±0,03
	Tinggi pinggul	0,07±0,01	0,21±0,09	0,21±0,12
	Panjang telinga	0,06±0,01	0,06±0,03	0,20±0,00
	Lebar telinga	0,05±0,01	0,05±0,02	0,20±0,00

Hasil penelitian pada Tabel 40 menunjukkan bahwa antara berat lahir dan ukuran-ukuran tubuh pada saat lahir, antara berat lahir dengan berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat sapih masing-masing berkorelasi secara genetik dengan arah positif dan berderajat sedang, antara berat lahir dengan berat setahun dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun berkorelasi secara genetik dengan arah positif dan berderajat rendah.

Korelasi genetik antara berat lahir dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir paling erat dibandingkan dengan antara berat lahir dan kinerja pertumbuhan saat sapih maupun saat umur setahun. Hal tersebut dikarenakan berat lahir dan ukuran-ukuran tubuh saat lahir dikontrol oleh gen-gen yang sama pada waktu yang ber-samaan sehingga memperkecil peragam lingkungan tetapi sebaliknya me-ningkatkan peragam genetik aditif. Estimasi korelasi genetik aditif dan fenotipik pada kinerja pertumbuhan saat lahir bernilai positif dan tinggi sehingga me-nunjukkan tidak adanya antagonisme antara sifat-sifat pertumbuhan pada saat lahir.

Berdasarkan arah dan derajat korelasi genetik tersebut, maka korelasi genetik antara kinerja pertumbuhan saat lahir dan saat sapih lebih erat daripada dengan kinerja pertumbuhan saat umur setahun. Korelasi genetik antara kinerja per-tumbuhan saat lahir dan saat sapih lebih erat daripada antara kinerja pertumbuhan saat lahir dan saat umur setahun karena sifat lahir dan sapih memiliki kesamaan pengaruh maternal walaupun dengan kapasitas yang berbeda. Keragaman non-

genetik yang berasal dari maternal berpengaruh lebih besar terhadap kinerja saat lahir daripada saat sapih. Kesamaan tersebut menghasilkan peragam lingkungan yang lebih kecil sehingga menghasilkan peragam genetik aditif yang lebih besar.

Kapasitas pengaruh maternal yang merupakan pengaruh keragaman nongenetik berpengaruh paling besar terhadap berat lahir, selanjutnya pengaruhnya menurun terhadap berat sapih, dan sangat kecil pengaruhnya terhadap berat setahunan. Perbedaan kapasitas pengaruh keragaman nongenetik yang semakin besar mengakibatkan rendahnya peragam genetik aditif karena semakin meningkatnya peragam genetik nonaditif antara dua sifat. Berdasarkan alasan tersebut, maka korelasi genetik antara berat lahir dan berat sapih lebih tinggi daripada antara berat lahir dan berat setahunan. Kinerja pertumbuhan saat umur setahun sudah tidak dipengaruhi oleh keragaman nongenetik yang berasal dari induk sehingga memperbesar peragam nongenetik antara kinerja pertumbuhan saat lahir dan saat umur setahun. Peragam nongenetik atau peragam lingkungan yang lebih besar mengakibatkan rendahnya peragam genetik aditif antara kinerja pertumbuhan saat lahir dan saat umur setahun.

Estimasi korelasi genetik yang bernilai positif dan berderajat sedang antara sifat lahir dan sapih maupun dengan setahunan menunjukkan bahwa seleksi pada kinerja pertumbuhan saat lahir akan menghasilkan peningkatan pada kinerja pertumbuhan saat sapih dan setahun. Seleksi terhadap kinerja pertumbuhan saat lahir tidak dianjurkan untuk menghindari kejadian distokia walaupun menghasilkan respon seleksi berkorelasi pada kinerja pertumbuhan saat sapih maupun setahunan.

Pengetahuan tentang estimasi korelasi genetik sebenarnya bermanfaat untuk menentukan tekanan optimum dalam pelaksanaan seleksi beberapa sifat yang berbeda. Seleksi dapat dilakukan untuk meningkatkan berat akhir tanpa harus meningkatkan berat lahir untuk mencegah kejadian distokia.

Estimasi korelasi genetik antara berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat sapih serta antara berat setahunan dan ukuran-ukuran tubuh umur setahun masing-masing bernilai positif dan berderajat sedang. Nilai korelasi genetik yang bernilai positif dan berderajat sedang tersebut disebabkan berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat sapih serta berat setahunan dengan ukuran-ukuran tubuh saat setahunan masing-masing dikontrol oleh gen-gen yang sama dan pada waktu yang ber-samaan sehingga peragam nongenetik pada sifat-sifat sapih maupun pada sifat-sifat setahunan rendah. Hal tersebut meningkatkan peragam genetik aditif antara berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat sapih maupun antara berat setahunan dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun.

Kinerja pertumbuhan saat sapih maupun saat umur setahun diukur pada umur yang sama sehingga kinerja tersebut memiliki persamaan dalam keragaman lingkungan. Keragaman lingkungan yang sama berarti memiliki peragam lingkungan yang rendah sehingga meningkatkan peragam genetik.

Korelasi genetik antara berat sapih dan kinerja pertumbuhan saat umur setahun memiliki arah positif dan berderajat sedang. Korelasi genetik antara berat sapih dan kinerja pertumbuhan saat umur setahun masing-masing lebih rendah daripada korelasi genetik antara berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat umur sapih dan antara berat setahunan dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun. Perbedaan periode atau waktu pengukuran sifat mengakibatkan tingginya perbedaan lingkungan sehingga meningkatkan peragam lingkungan atau peragam non- genetik yang mengakibatkan penurunan peragam genetik aditif. Rendahnya peragam genetik aditif mengakibatkan penurunan korelasi genetik antara dua sifat.

Keragaman lingkungan pada kinerja pertumbuhan saat sapih berbeda dengan saat umur setahun. Keragaman kinerja pertumbuhan saat umur sapih masih di-pengaruhi oleh keragaman nongenetik yang berasal dari induk. Keragaman kinerja pertumbuhan umur setahun sudah tidak dipengaruhi oleh maternal.

Korelasi genetik antara berat sapih dan ukuran-ukuran tubuh saat sapih, antara berat setahunan dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun, serta antara berat sapih dan berat setahunan bermanfaat dalam pelaksanaan seleksi. Seleksi terhadap berat sapih sekaligus dapat mengakibatkan peningkatan ukuran-ukuran tubuh saat sapih, berat setahunan, dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun.

Seleksi pada berat sapih menghasilkan respon seleksi langsung pada berat sapih itu sendiri sebesar $R=(i)(h^2)(\sigma_p)$ dimana R = respon seleksi, i = intensitas seleksi, h^2 = heritabilitas sifat yang diseleksi, σ_p = simpangan baku rata-rata kinerja yang diseleksi. Selain itu, seleksi tersebut juga menghasilkan peningkatan ukuran-ukuran tubuh saat sapih, berat setahunan, dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahunan akibat pelaksanaan seleksi pada berat sapih dinyatakan sebagai respon seleksi berkorelasi atau respon seleksi tidak langsung.

Respon seleksi berkorelasi tersebut dinyatakan dalam rumus $CR_{12}=(i)(h_1)(h_2)(r_g)(\sigma_{p2})$ (Keterangan: CR_{12} =respon seleksi berkorelasi apabila seleksi dilakukan secara langsung pada sifat pertama, h_1 = akar heritabilitas sifat pertama, h_2 =akar heritabilitas sifat kedua, r_g =korelasi genetik, σ_{p2} = simpangan baku kinerja sifat kedua).

Korelasi genetik yang tinggi antara berat setahunan dengan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun tersebut sangat bermanfaat untuk melakukan pendugaan berat setahunan berdasarkan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun terutama pada lokasi peternakan yang tidak menyediakan timbangan sebagai alat pengukur berat hidup. Selain itu, seleksi untuk meningkatkan berat badan umur setahunan dapat dilakukan berdasarkan ukuran-ukuran tubuh umur setahunan.

Korelasi genetik yang tinggi antara berat setahunan dengan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun menunjukkan hubungan yang erat antara kedua kinerja tersebut. Estimasi korelasi genetik menggambarkan hubungan antara sifat-sifat yang diatur oleh gen atau rangkaian gen yang sama yang bersifat aditif .

Estimasi korelasi genetik bukan suatu konstanta, nilainya akan berubah seiring dengan terjadinya dinamika dalam populasi.

Pelaksanaan seleksi, perkawinan, mutasi masuk, dan mutasi keluar mengakibatkan perubahan frekuensi gen. Frekuensi gen adalah peluang munculnya gen dalam suatu populasi.

Perubahan frekuensi gen mengakibatkan perubahan pada nilai parameter genetik. Oleh karena itu korelasi genetik juga harus diestimasi secara periodik agar menjadi informasi yang akurat sebagai panduan dalam pelaksanaan seleksi dan persilangan.

Salah baku korelasi genetik

Estimasi korelasi genetik antara kinerja pertumbuhan saat lahir, sapih, dan umur setahun pada kambing PE yang diamati penulis memiliki salah baku yang rendah. Hal tersebut menunjukkan bahwa estimasi korelasi genetik hasil penelitian ini memiliki keterandalan yang tinggi sehingga apabila digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan ternak diperoleh hasil yang tidak menyimpang terlalu jauh dari kenyataan di lapangan.

Salah baku yang rendah tersebut dapat dicapai dengan cara memilih induk yang melahirkan cempe mulai tahun 2009 untuk menekan keragaman dari pengaruh maternal. Selain itu, data yang diestimasi untuk masing-masing sifat dan masing-masing bangsa cukup banyak. Jumlah data yang digunakan adalah sebagai berikut: 500 pasang data dari 20 pejantan. Salah baku estimasi korelasi genetik dapat mencapai nilai rendah apabila datanya banyak, paling sedikit ada 400 sampai 500 data. Data tidak cukup banyak juga dapat menghasilkan korelasi genetik yang andal apabila data tersebut sudah dilakukan penyesuaian terlebih dahulu terhadap beberapa faktor yang menjadi penyebab timbulnya keragaman data. Penyesuaian data kinerja pertumbuhan saat sapih dilakukan terhadap jenis kelamin, tipe kelahiran, dan umur induk sedangkan penyesuaian data kinerja pertumbuhan umur setahun dilakukan terhadap jenis kelamin dan tipe kelahiran dan tidak terhadap umur induk.

Penyesuaian terhadap jenis kelamin kambing dilakukan karena kambing jantan selalu lebih berat dan tumbuh lebih cepat daripada kambing betina. Kambing jantan lebih responsif terhadap berbagai kondisi lingkungan. Keragaman lingkungan yang berasal dari maternal berpengaruh langsung terhadap pertumbuhan prasapah dan tidak terlalu berpengaruh terhadap pertumbuhan pasca sapah. Pengaruh lingkungan maternal tersebut dapat dipisahkan menjadi paritas dan *litter size* induk. Penyesuaian data tersebut bertujuan menghilangkan pengaruh yang menyebabkan tingginya keragaman lingkungan.

G. Ringkasan

Korelasi genetik menggambarkan hubungan antara sifat-sifat yang diatur oleh gen atau rangkaian gen yang sama yang bersifat aditif. Genetik ternak dan lingkungan akan menghasilkan fenotip sehingga terdapat juga korelasi fenotipik dan korelasi lingkungan.

Korelasi genetik dapat disebabkan oleh gen-gen pleiotropi yaitu gen-gen yang mengatur ekspresi dua sifat. Korelasi genetik tersebut terjadi pada populasi yang berada dalam keseimbangan genetik dan dalam keadaan kawin acak. Korelasi genetik antara dua sifat juga dapat terjadi karena gen terangkai yaitu dua gen yang terletak pada kromosom yang sama dan masing-masing mengatur sifat yang berbeda. Kondisi tersebut terjadi pada populasi yang tidak berada dalam keadaan keseimbangan genetik. Nilai korelasi genetik berkisar antara -1,0 sampai +1,0.

Korelasi genetik bermanfaat dalam estimasi respon seleksi berkorelasi, menghitung estimasi respons seleksi dengan metode seleksi indeks, untuk melakukan seleksi pada suatu sifat yang munculnya lebih akhir. Korelasi genetik dapat diestimasi dengan beberapa metode yang sama dengan pada estimasi heritabilitas, yaitu metode hubungan saudara tiri seapak, metode nested hierarchal design, dan regresi antara anak terhadap tetua.

H. Hasil-hasil Penelitian tentang Korelasi Genetik

Korelasi genetik pada babi

Menurut Cassady *et al.* (2005), peningkatan pertumbuhan babi seringkali berkaitan dengan peningkatan deposisi lemak. Hubungan fenotipik total tersebut disebabkan oleh faktor genetik dan lingkungan yang memengaruhi kedua performa. Ketersediaan pakan atau masuknya organisme penyakit dapat memengaruhi pertumbuhan dan lemak punggung tetapi beberapa gen juga memengaruhi kedua performa.

Keterkaitan yang diperoleh dari faktor lingkungan dinyatakan sebagai korelasi lingkungan. Korelasi antara dua performa yang disebabkan oleh gen disebut korelasi genetik. Korelasi genetik sangat diperlukan dalam pemuliaan ternak karena merupakan korelasi antara nilai pemuliaan dua sifat. Korelasi genetik berkisar antara -1 sampai +1 dan dapat dikelompokkan menjadi tiga cara yaitu kekuatan, tanda + atau -, dan apakah nilai korelasi genetik menguntungkan atau tidak menguntungkan. Kekuatan korelasi ditunjukkan oleh nilai korelasi genetik. Korelasi dengan nilai -1 atau 1 menunjukkan hubungan yang kuat. Korelasi mendekati nol menunjukkan lemahnya hubungan antara kedua sifat. Tanda + atau - menunjukkan arah perubahan. Korelasi genetik bernilai negatif menunjukkan bahwa peningkatan pada satu sifat mengakibatkan penurunan pada sifat lain. Korelasi bernilai positif menunjukkan bahwa dua sifat cenderung berubah dengan arah yang sama. Tanda dalam nilai korelasi genetik tidak menunjukkan apakah hubungan antarsifat menguntungkan atau tidak menguntungkan tetapi hanya memperlihatkan hubungan statistik (Cassady *et al.*, 2005).

Korelasi genetik antara konversi pakan dan penambahan bobot badan harian (PBBH) negatif (-0,53) menunjukkan bahwa pertumbuhan yang pesat berkaitan dengan rendahnya pakan yang dibutuhkan untuk meningkatkan bobot badan per unit. Nilai korelasi genetik tersebut negatif menguntungkan secara ekonomis. Korelasi genetik antarsifat menghasilkan respon seleksi berkorelasi. Seleksi untuk meningkatkan sifat yang berkorelasi dengan sifat lain menghasilkan peningkatan pada sifat lain yang berkorelasi. Korelasi antardua sifat yang tidak

menguntungkan meningkatkan kesulitan dalam meningkatkan dua sifat secara bersamaan (Cassady *et al.*, 2005).

Peningkatan dua performa ternak melalui seleksi khusus untuk dua sifat yang berkorelasi sangat tinggi dan tidak diinginkan dapat ditempuh melalui seleksi indeks. Hubungan antara PBBH dengan lemak punggung babi (0,12) sehingga seleksi untuk meningkatkan PBBH diharapkan sekaligus dapat meningkatkan lemak punggung babi. Seleksi untuk meningkatkan kecepatan pertumbuhan diharapkan dapat menghasilkan ternak pengganti dengan nilai pemuliaan yang menguntungkan pada konversi pakan. Korelasi antara kecepatan pertumbuhan dan konversi pakan bersifat menguntungkan walaupun nilainya negatif (-0,53). Seleksi untuk meningkatkan kecepatan pertumbuhan diharapkan dapat meningkatkan penggunaan pakan karena ternak dengan pertumbuhan yang cepat cenderung lebih efisien dalam penggunaan pakan (Cassady *et al.*, 2005).

Peningkatan PBBH melalui seleksi secara tidak langsung juga meningkatkan lemak punggung yang tidak diharapkan mengalami peningkatan. Hal tersebut dapat ditempuh melalui pemilihan ternak dengan nilai pemuliaan yang menguntungkan untuk kedua sifat. Ternak dengan nilai pemuliaan tertinggi pada PBBH memiliki nilai pemuliaan yang tidak menguntungkan pada lemak punggung. Korelasi genetik antara PBBH dan lemak punggung babi 0,12.

Cassady *et al.* (2005), pengetahuan tentang nilai pemuliaan, korelasi genetik, dan kepentingan ekonomis relatif dari performa digunakan dalam seleksi indeks. Seleksi indeks merupakan metode terbaik untuk menentukan nilai genetik relatif ternak. Seleksi untuk menemukan pasar dilakukan dalam industri babi. Indeks yang ada khusus pada sifat maternal, sifat paternal, atau pasar yang diinginkan. Indeks dapat dikembangkan untuk pasar ekspor dan pasar domestik. Bobot ekonomis yang digunakan untuk menghitung indeks berbeda tetapi parameter genetiknya tidak berubah. Nilai pemuliaan dan korelasi genetik merupakan ukuran populasi yang bebas dari sifat-sifat yang bernilai ekonomis. Pemahaman yang baik tentang parameter genetik membantu produsen memahami dan menggunakan informasi genetik.

Nilai korelasi genetik beberapa sifat pada babi dilaporkan oleh Cassady *et al.* (2005) seperti pada Tabel 16.5

Tabel 16.5 Korelasi genetik beberapa sifat pada babi

No	Performa yang berkorelasi	Nilai korelasi genetik
1	Jumlah anak yang dilahirkan-bobot <i>litter</i> waktu lahir	0,62
2	Jumlah anak yang dilahirkan-jumlah anak yang disapih	0,73
3	Jumlah anak yang dilahirkan-bobot <i>litter</i> umur 21 hari	0,45
4	Bobot <i>litter</i> waktu lahir-jumlah anak yang disapih	0,71
5	Bobot <i>litter</i> waktu lahir-bobot <i>litter</i> umur 21 hari	0,68
6	Jumlah anak yang disapih-bobot <i>litter</i> umur 21 hari	0,87
7	Lama hari sampai babi mencapai bobot 230 <i>lbs</i> -konversi pakan	0,60
8	Lama hari sampai babi mencapai bobot 230 <i>lbs</i> -lemak punggung	- 0,25
9	PBBH-konversi pakan	- 0,53
10	PBBH-lemak punggung	0,20
11	Konversi pakan-lemak punggung	0,30
12	Lemak punggung-luas area mata rusuk	- 0,4
13	Lemak punggung-panjang karkas	- 0,20
14	Lemak punggung-persentase lean	- 0,7
15	Luas area mata rusuk-panjang karkas	- 0,2
16	Luas area mata rusuk-persentase <i>lean</i>	0,65
17	Panjang karkas-persentase <i>lean</i>	0,2
18	pH (24 jam)-warna daging	- 0,5
19	pH (24 jam)- <i>drip loss</i>	- 0,7
20	pH (24 jam)- <i>tenderness</i>	0,5
21	Warna daging- <i>drip loss</i>	0,5
22	Warna daging- <i>tenderness</i>	- 0,15
23	<i>Drip loss</i> - <i>tenderness</i>	- 0,15

Sumber: Cassady *et al.* (2005)

Korelasi genetik pada *heifer* Limousin

Phocas *et al.* (2006) melaporkan hasil penelitiannya dengan tujuan untuk memelajari konsekuensi potensi seleksi ternak yang kurang agresif dan aktif selama penanganan melalui estimasi korelasi genetik antara kriteria temperamen dan sifat *breeding* Limousin. Data yang terdiri dari catatan yang dikumpulkan mulai 1992 sampai dengan 2004 stasiun uji progeny pejantan Limousin. Enam sifat dicatat selama uji tingkah laku (*docility test*) untuk mempertimbangkan temperamen *heifer*, agresif terhadap penggembala, waktu berlari dan banyaknya sapi melarikan diri per menit selama periode pengujian pada saat ada atau tidak ada pekerja yang menangani dan *synthetic docility score* yang menghitung lima komponen tersebut. Delapan sifat *breeding* dipertimbangkan secara serentak di dalam analisis gabungan dengan lima komponen temperamen dasar: bobot umur 12 bulan, setelah sapi beranak (untuk mengukur pertumbuhan *heifer*), umur pertama estrus (untuk mengukur pubertas), fertilitas (untuk mengukur performa reproduksi *heifer*), skor kemudahan beranak dan pembukaan pelvik (untuk mengukur performa beranak), tingkah laku maternal pada saat beranak dan produksi susu (mengukur kemampuan menyusui).

Estimasi kovarians *Reduced Maximum Likelihood* (REML) diturunkan menggunakan model pejantan multisifat linier. Estimasi korelasi genetik antara sifat temperamen menunjukkan bahwa secara genetik ternak yang agresif juga mencoba untuk melarikan diri. Konsekuensinya, penghapusan akan mengurangi risiko dan penanganan pekerjaan. Korelasi genetik antara sifat temperamen dan sifat *breeding* berkisar dari nol sampai nilai yang menguntungkan. Hasil penelitian juga memperlihatkan bahwa *heifer* yang memiliki sedikit rasa takut ternyata lebih produktif karena reproduksi dan performa beranak yang lebih tinggi. *Heifer* yang memiliki rasa takut lebih tinggi disebabkan oleh kemampuan maternal yang lebih tinggi seperti halnya tingkah laku pada waktu beranak dan laktasi (Phocas *et al.*, 2006).

Estimasi korelasi genetik reproduksi dan performa daging babi Berkshire

Estimasi korelasi genetik antara CW dan BF 0,27 (Lee *et al.*, 2006), 0,42 (Tomiyama *et al.*, 2011). Koefisien korelasi genetik antara BF dan FC bernilai positif (0,27), antar BF dan CL (-0,28) dan antara BF dan SH (-0,30) masing-masing bernilai negatif. Koefisien korelasi genetik antara pH24h dan warna daging -0,51 sampai -0,33, antara pH24h dengan DL -0,41, antar pH24h dengan CL 0,05, antara pH24h dengan SH -0,32 (Lee *et al.*, 2006).

Tabel 17.5 korelasi genetik antar sifat pada babi Berkshire

Sifat	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)
(1) CW (1)		0.27	0.29	-0.05	-0.24	-0.08	-0.19	-0.12	0.00	-0.36	0.04	-0.04
(2) BF (2)	0.26		0.16	0.07	-0.30	0.01	-0.19	0.18	-0.14	-0.28	0.27	-0.30
(3) pH45m	-0.02	-0.02		0.06	-0.45	0.23	0.01	-0.32	-0.05	-0.23	0.14	0.04
(4) pH24h	0.00	0.07	0.10		-0.33	-0.51	-0.51	0.20	-0.41	0.05	0.13	-0.32
(5) LMC	-0.05	-0.04	-0.17	-0.13		0.03	0.75	-0.10	0.53	0.68	0.16	0.14
(6) RMC	0.04	0.10	-0.03	-0.12	-0.07		0.41	-0.01	0.34	0.11	0.03	-0.02
(7) YMC	-0.06	-0.02	-0.05	-0.32	0.57	0.40		-0.25	0.43	0.62	-0.02	0.19
(8) MHC	0.02	0.05	-0.10	0.02	-0.01	-0.03	-0.05		0.04	0.06	-0.08	-0.06
(9) DL	0.03	0.00	-0.27	-0.27	0.35	0.20	0.34	0.01		0.20	-0.22	0.05
(10) CL	-0.08	-0.16	-0.15	-0.19	0.33	0.12	0.40	-0.03	0.28		0.09	0.44
(11) FC	0.06	0.33	0.11	-0.01	0.14	0.18	0.26	-0.02	-0.04	-0.02		-0.17
(12) SH	-0.03	-0.19	-0.14	-0.15	0.04	0.04	0.09	-0.02	0.23	0.32	-0.16	

Keterangan:

Angka-angka di atas segitiga (bidang diagonal) adalah nilai korelasi genetik, di bawah garis diagonal korelasi fenotipik;

CW = carcass weight = bobot karkas;

BF = Back fat thickness= tebal lemak punggung;

pH45m = pH pada 45 menit setelah pemotongan

pH24h = pH value after 24 hours= pH setelah 24 jam pemotongan;

LMC = lightness in meat color= kecerahan warna daging;

RMC = redness in meat color= kemerahan pada warna daging;

YMC = yellowness in meat color= kekuningan pada warna daging;

MHC = moisture holding ability= kemampuan daging dalam mengikat air;

DL = drip loss;

CL = cooking loss = susut masak;

FC = fat content = kandungan lemak;

SH = shear force value= nilai gaya geser

Latihan

1. Apa yang dimaksud dengan korelasi genetik antara dua sifat?
2. Apa saja penyebab adanya korelasi genetik antara dua sifat?
3. Pada populasi yang bagaimana korelasi genetik terjadi karena gen terangkai?
4. Mengapa korelasi genetik yang terjadi karena gen terangkai tidak dapat digunakan dalam perhitungan rumus-rumus pemuliaan ternak?
5. Apa manfaat korelasi genetik dalam pemuliaan ternak?
6. Tuliskan kelompok atau kelas estimasi korelasi genetik berdasarkan kisaran nilai korelasi genetik?
7. Bagaimana Anda menjelaskan pernyataan bahwa korelasi genetik antara produksi susu dengan kadar lemak sebesar $-0,24$?
8. Berdasarkan hasil penelitian penulis pada populasi kambing PE, mengapa korelasi genetik antara berat sapih dengan ukuran-ukuran tubuh saat sapih lebih tinggi atau lebih erat daripada dengan berat setahun dan ukuran-ukuran tubuh saat umur setahun?
9. Berdasarkan hasil penelitian penulis pada kambing PE, apa manfaat praktis korelasi genetik antara berat badan dan ukuran-ukuran tubuh kambing bagi petugas peternakan di lapangan?

10. Apa manfaat tabel analisis peragam dalam estimasi korelasi genetik? Buatlah tabel umum analisis peragam korelasi genetik dengan metode korelasi saudara tiri seapak (*one-way layout*)!

Daftar Pustaka

- Becker, W. A. 1992. *Manual of Quantitative Genetics*. Fifth Edition. Academic Enterprises . Pullman. USA.
- Cassady, J. N.C. Raleigh, and W. Robison. 2005. *Genetic parameters and their use in swine breeding*. Purdue University Cooperative Extension Service, West Lafayette, IN 47907. Purdue Wxten
- Dalton, D.C. 1980. *An Introduction to Practical Animal Breeding*. Granada. London
- Falconer, R. D. and T. F. C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, Malaysia.
- Hardjosubroto, W. 1994. *Aplikasi Pemuliabiakan Ternak di Lapangan*. PT Grasindo. Jakarta.
- Lasley, J. F. 1978. *Genetics of Livestock Improvement*. Edisi ketiga. Prentice Hall. Inc. Englewood Cliffs. New Jersey
- Legates, E. J. and E. J. Warwick. 1990. *Breeding and Improvement of Farm Animals*. McGraw Hill. Publishing Company. London.
- Phocas, F., X. Boivin, J. Sapa, and G. Trillat. 2006. Genetic correlations between temperament and breeding traits in Limousin heifers. Volume 82, Issues 6, pp 805 – 811 (<https://doi.org/10.1017/ASC200696>)
- Sulastri. 2014. *Karakteristik Genetik Bangsa-bangsa Kambing di Provinsi Lampung*. Disertasi. Program Pascasarjana. Fakultas Peternakan. Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta
- Warwick, E. J., J. M. Astuti, dan W. Hardjosubroto. 1990. *Pemuliaan Ternak*. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta