



**KERAGAMAN GENETIK AYAM ASLI INDONESIA
YANG LANGKA BERDASARKAN ANALISIS
SEKUEN KOMPLIT DAERAH D-LOOP MITOKONDRIA
DAN GEN *MYXOVYRUS (Mx) RESISTANCE***

MARIA ULFAH



**SEKOLAH PASCA SARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2016**

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi berjudul Keragaman Genetik Ayam Asli Indonesia yang Langka berdasarkan Analisis Sekuen Komplit Daerah D-Loop Mitokondria dan Gen *Myxovirus (Mx) Resistance* adalah benar karya saya dengan arahan dari komisi pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Juni 2016

Maria Ulfah
NIM. G362110061

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



RINGKASAN

MARIA ULFAH. Keragaman Genetik Ayam Asli Indonesia yang Langka berdasarkan Analisis Sekuen Komplit Daerah D-Loop Mitokondria dan Gen *Myxovirus (Mx) Resistance*. Dibimbing oleh ACHMAD FARAJALLAH, MULADNO, JAKARIA dan DYAH PERWITASARI.

Ayam bekisar (BkSr), bekikuk (BKK), leher gundul (GUN), sumatera (SUM) dan walik (WLK) merupakan ayam asli Indonesia yang langka. Karakter molekuler merupakan salah satu kriteria standar teknis utama dalam penetapan rumpun (*breed*) dan galur ayam di Indonesia yang sampai saat ini masih terbatas datanya. Wabah penyakit viral seperti AI dan ND juga diperkirakan menjadi salah satu penyebab kelangkaan dan hilangnya *breed* ayam sehingga karakteristik gen yang terkait dengan tingkat kekebalan tubuh ayam terhadap serangan penyakit akan menentukan keberlangsungan hidup ayam. Tujuan penelitian ini adalah untuk menyediakan pangkalan data struktur populasi dan diferensiasi *breed* dan menduga asal-usul ayam asli Indonesia berdasarkan karakteristik mtDNA d-loop dan gen Mx. Penelitian ini terdiri dari 2 tahapan penelitian yaitu (1). Determinasi *breed* ayam asli Indonesia yang langka dan ayam Indonesia yang lain berdasarkan analisis sekuen komplit daerah d-loop mitokondria (mtDNA d-loop), dan (2). variasi dan evolusi gen Mx ayam berdasarkan sejarah program seleksi dan pembentukan *breed* ayam.

Penelitian ini menggunakan 23 *breed* ayam Indonesia (mewakili 35% jumlah total *breed* ayam yang ada di Indonesia), berdasarkan Sartika dan Iskandar (2007). Tiga set data digunakan pada penelitian tahap 1. Data pertama digunakan untuk menentukan *haplogroup* mtDNA d-loop ayam asli Indonesia dan hubungannya dengan ayam-ayam dari negara-negara lain dengan menggunakan analisis *unrooted neighbor-joining* (NJ). Data pertama ini terdiri dari 679 sekuen mtDNA d-loop (1227 bp) dari 6 *breed* ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, Bkk, BRG, GUN, SUM dari populasi Indonesia dan Amerika Utara dan WLK), 17 *breed* ayam Indonesia yang lain (arab *golden red* ARGj dan ARGb, arab silver ARGs, bangkok BgK, *black java* (BJ, dari populasi Amerika Utara), cemani CMN, gaga' GAG, kampung (KPGb, KPGb, KPGg, KPGbd, KPGs dan KPGsl), kate KT, kapas KPS, kedu hitam KDh, kedu lurik KDI, kedu putih KDP, kukuak balenggek AKB, pelung PLg, nunukan NNK, sentul STL, dan serama SRM, 2 ayam ras komersial (broiler BRO, dan layer L), 5 subspecies ayam hutan hijau (dari Bali AHHb, Jawa AHHj, dan Madura AHHm) dan 2 ayam hutan merah (dari Jawa AHMj, dan Sumatera AHMs) dan 154 sekuen perwakilan *haplotype* mtDNA d-loop ayam di dunia (A-I dan W-Y) (Mioa *et al.* 2013). Seratus sembilan puluh delapan (198) sekuen mtDNA D-loop ayam asli Indonesia dan ayam hutan telah disimpan di Genbank NCBI dengan no akses KR535995-KR536177 dan KT853000-KT853016. Data kedua terdiri dari 524 sekuen mtDNA D-loop (1227 bp) ayam Indonesia dan ayam hutan digunakan untuk memperkirakan struktur populasi dan determinasi spesies, subspecies, *breed* dan galur ayam. Keragaman *haplotype* (H) dan keragaman genetik (π) mtDNA d-loop dari 481 individu ayam Indonesia dan ayam ras komersial dihitung dengan menggunakan program *DNA Sequence Polymorphism* (DnaSP) versi 5.10.01. Struktur populasi dan determinasi *breed* ayam dianalisis dengan menggunakan program Mr. Bayes versi 3.0. Data ketiga mencakup 616

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

sekuen mtDNA D-loop ayam (ayam Indonesia=490; ayam dari luar negeri=126) yang digunakan untuk menganalisis aliran genetik dan penyebaran ayam yang dianalisis dengan menggunakan *Median Joining Network* (MJ) dalam program NETWORK versi 5.0.0.0. Penyebaran ayam berdasarkan 7 wilayah regional *State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture* (SoW-AnGR) yang ditetapkan FAO (2007) digunakan untuk menentukan pengelompokan *breed* ayam: (1). lokal (*breed* yang hanya ada di 1 negara), (2). lintas batas regional (*breed* lintas batas yang hanya ada di salah satu di antara 7 wilayah regional SoW-AnGR) dan (3). lintas batas internasional (*breed* yang ada di lebih dari 1 wilayah regional SoW-AnGR).

Hasil penelitian tahap 1 menunjukkan bahwa ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, SUM, GUN dan WLK) memiliki rataan keragaman genetik yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam yang lain. Penanda mtDNA d-loop dapat digunakan untuk membedakan subspecies ayam hutan dan *breed* pada ayam Indonesia. Sebanyak 201 *haplotype* teridentifikasi pada penelitian ini. Ayam asli Indonesia yang langka mengelompok pada *haplogroup* B, D dan E (terutama D). Ayam Indonesia pada awalnya dikembangkan untuk tujuan hiburan (pesuara dan hias), selanjutnya diseleksi sebagai ayam pedaging dan petelur. Pendugaan hubungan kekerabatan yang dekat antara BJ dan BS dari USA (*haplogroup* E) dengan SUM dan KDh (*haplogroup* D) tidak terbukti pada penelitian ini. Penelitian ini mengusulkan 5 *haplogroup* baru untuk determinasi *subspecies* ayam hutan: Vm, Vj dan Vb (masing-masing untuk AHHb, AHHj dan AHHm), dan *haplogroup* J dan Sm (masing-masing untuk AHMj dan AHMs). Kontribusi AHH dan AHM dan asal-usul *multiphyletic* ayam asli Indonesia telah berhasil dijelaskan dalam penelitian ini. Tiga aliran mtDNA D-loop ayam yang menentukan asal-usul ayam Indonesia yaitu: (1) Cina, India, Jepang dan Korea, (2). Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Laos, Myanmar dan Thailand dan (3). Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Mediterania dan USA. Tiga (3) *breed* ayam Indonesia (KDI, KPG dan SUM) diduga sebagai *breed* ayam asli yang hanya ada di Indonesia. Oleh karena itu, pelestariannya sangat penting untuk dilakukan sebagai upaya untuk mempertahankan keragaman genetik dan juga untuk pemanfaatannya di masa depan. Pembentukan galur murni ayam Indonesia seharusnya didukung oleh oleh program seleksi dan pemuliaan yang sistematis.

Pada penelitian tahap 2 digunakan 216 individu ayam dari penelitian tahap 1 yang dikelompokkan berdasarkan tingkat seleksi dan program pemuliaan, yaitu: (1). Liar 1 (AHH), (2). Liar 2 (AHM), (3). *Unselected chicken* (UC), (4). *Moderately selected chicken* (MC) dan (5). *Highly selected chicken* (HC). Total 216 sekuen gen Mx ayam (daerah promotor dan ekson 1-14) digunakan untuk menganalisis struktur populasi dan pengaruh sejarah seleksi dan pembentukan *breed* ayam terhadap evolusi gen Mx ayam. Nilai H dan h dihitung berdasarkan Nei (1987) dengan menggunakan program DnaSP versi 5.10.00. Frekuensi *diplotype*, perbandingan *pairwise* indeks fiksasi (F_{ST}), diferensiasi alel dan *molecular variance analysis* (AMOVA) kelompok L1, L2, UC, MC dan HC dihitung dengan menggunakan program Arlequin v3.5.1.2. Analisis Bayesian dengan menggunakan program Mr. Bayes versi 3.0 digunakan untuk menduga hubungan kedekatan gen Mx masing-masing *breed* ayam. *Analysis of variance* (ANOVA) selanjutnya dilakukan untuk menganalisis hubungan antara genotipe gen



Mx (alel resisten A/A, dan alel rentan A/G and G/) dengan respon kekebalan ayam Indonesia (nilai titer antibodi HI ayam terhadap NDV dan H5N1 AIV).

Hasil penelitian tahap 2 menemukan 127 SNPs baru pada gen Mx ayam termasuk *nonsynonomious* S631N. Sebanyak 779 asam amino diprediksikan membentuk protein Mx ayam Indonesia dan ayam hutan. Ayam pada kelompok UC mempunyai keragaman gen Mx lebih tinggi ($p < 0.05$) jika dibandingkan dengan ayam pada kelompok MC dan HC. Tiga tipe mutasi nukleotida pada ekson 14 gen Mx ayam terdeteksi pada penelitian ini, yaitu (1). Tipe liar (W) pada kelompok HC, (2). Tipe mutasi *splice-site* 1 (SS1) pada kelompok UC, MC, L1 dan L2, dan (3). Tipe mutasi *splice-site* 2 (SS2) pada kelompok UC, MC, L1 dan L2. Hilangnya 3 dan 32 basa nukleotida dari ekson 14 gen Mx masing-masing pada mutan SS1 dan mutan W, menghasilkan hilangnya 1 dan 8 asam amino pada ekson 14 gen Mx sehingga membentuk protein Mx yang tidak normal. Tipe mutan SS2 diperkirakan sebagai karakteristik *origin* dari gen Mx ayam hutan dan ayam asli Indonesia. Alel resisten A/A juga menunjukkan respon kekebalan negatif terhadap H5N1AIV dan NDV. Penggunaan alel A dari gen Mx ayam untuk meningkatkan kekebalan tubuh ayam terhadap berbagai jenis antigen (terutama AIV dan NDV) belum dapat disarankan dalam penelitian ini. Penanda gen Mx dapat digunakan untuk membedakan subspecies ayam hutan dan *breed* ayam asli Indonesia. *Diplogroup* gen Mx AHM mengelompok dengan *diplogroup* gen Mx ayam Indonesia. Ayam hitam dari USA (BJ dan BS) juga diduga tidak berkerabat dekat dengan Kdh dan SUM. Kontribusi AHH dalam domestikasi ayam asli Indonesia diperkirakan melalui pembentukan BkSr yang memiliki *diplotype* gen Mx yang sama dengan ayam asli Indonesia yang lain.

Penelitian ini mengusulkan diferensiasi *breed* dan galur ayam Indonesia yang baru. Penanda mtDNA d-loop dapat digunakan untuk menduga analisis kekerabatan maternal, sedangkan penanda gen Mx dapat digunakan secara parsial atau bersama-sama dengan mtDNA d-loop untuk tujuan analisis kekerabatan yang spesifik saat ini. Penelitian ini menyediakan data penting tentang karakteristik molekuler ayam asli Indonesia dalam rangka mendukung Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor: 117/Permentan/SR.120/10/2014 tentang penetapan dan pelepasan rumpun atau galur hewan).

Kata kunci: Ayam Indonesia, aliran genetik, diferensiasi *breed*, gen Mx, mtDNA d-loop, struktur populasi

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



SUMMARY

MARIA ULFAH. Genetic Diversity of The Rare Indonesian Native Chicken based on Complete Sequence Analysis of Mitochondrial DNA D-Loop and *Myxovirus* (Mx) *Resistance* Gene. Supervised by ACHMAD FARAJALLAH, MULADNO, JAKARIA and DYAH PERWITASARI.

The Bekisar (BkSr), bekikuk (BKK), leher gundul (GUN), sumatera (SUM) dan walik (WLK) are grouped as rare Indonesian native chickens. As one of the primary prerequisite criteria to determine *breed* and line of chicken, the molecular characteristic of Indonesian native chickens is still limited to date. The increasing of the extinction degree and lost of chicken *breeds* was also suggested due to highly outbreak of viral diseases such as AI and ND, therefore the specific molecular characteristic which related to chicken resistency to viral diseases is important parameter to quaranty the chicken livability. The aims of this research were to provide the fundamental data of the origin and population structure and breed deferentiation of Indonesian native chickens based on diversity of chicken mtDNA d-loop and Mx gene. This research consisted of 2 step of researches, namely (1). Breed determination of the rare Indonesian chickens based on complete sequence of mtDNA d-loop, and (2). Variation and evolution of Mx gene based on history of breeding and selection program.

This research used 23 Indonesian chicken breeds, represented 35% of total chicken *breed* found in Indonesia based on Sartika and Iskandar (2007). The 1st research used 3 datasets. An unrooted neighbor-joining (NJ) analysis was performed by using the first data set that comprised of 679 sequences (1227 bp) of chicken mtDNA d-loop of 6 breeds of the rare Indonesian native chickens (BkSr, Bkk, BRG, GUN, SUM (from Indonesia and USA), and WLK), other 13 Indonesian native chickens (*black java*, BJ, from USA), cemani CMN, gaga' GAG, kampung (KPGb, KPGb, KPGg, KPGbd, KPGs dan KPGsl), kedu hitam KDh, kedu lurik KDI, kedu putih KDP, kukuak balenggek AKB, pelung PLg, nunukan NNK, sentul STL), 6 breeds of Indonesian local chickens (arab golden red ARGb, and ARGj, arab silver ARS, bangkok BgK, kate KT, kapas KPS dan serama SRM), 2 commercial chickens (BRO and L), 5 subspecies of green junglefowl (from Bali AHHb, Java AHHj, and Madura AHHm), red junglefowl (from Java AHMj, and Sumatera AHMs) and 154 the most frequent haplotypes of 12 haplogroups (A-I and W-Y) of domesticated chickens and jungle fowls worldwide as described by Mioa *et al.* (2013). The representatives of mtDNA d-loop haplotypes of Indonesian native chickens were deposited in GenBank NCBI with accession number KR535995-KR536177 and KT853000-KT853016. The 2nd data set assembled 525 d-loop sequences (1227 bp) of the rare Indonesian chickens, other Indonesian chicken, and junglefowls to estimate the genetic relatedness of Indonesian native chickens with other chickens, and their origin. Segregation sites, haplotype and nucleotide diversity of 481 individual chickens were estimated using DnaSP version 5.10.01. Their phylogenetic tree was then constructed using Mr. Bayes' version 3.0. The 3rd data set included of 616 mtDNA d-loop sequences of Indonesian chicken (n=490) and chickens from other countries (n=126) to built a Median-Joining Network using NETWORK software version 4.6.3.1. The Network Publisher 2.0.0.1 was then used to highlight the root proxy node. The chicken distribution was determined

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

based on 7 regional criterias of the *State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture* (SoW-AnGR), therefore there are 3 groups of chicken breed further determined: (1). Local *breed* (*breed* which can be only found in 1 country), (2). Regional *breed* (*breed* which can be found in 1 of 7 regional distributions of SoW-AnGR), and (3). international *breed* (*breed* that can be found in more than 1 regional distribution of SoW-AnGR).

The neighbor-joining tree from the 1st research reveals that the majority of Indonesian native chickens belong to haplogroup B, D and E, but haplogroup D harbored most of them. The genetic diversity of the rare Indonesian native chickens was higher than other chickens. A total of 201 haplotypes were identified in this study. The Bayesian analysis also reveals that Indonesian native chickens were firstly utilized as entertainment purposes, followed by food purposes. Five haplogroups comprised samples of Indonesian junglefowls were proposed as new haplogroups Vb, Vj and Vm respectively in the case of AHH from Bali, Java and Madura Island, haplogroup J and Sm in the case of AHM from Java and Sumatera, respectively. The BJ and BS from USA are now closely related to each other, suggesting loss of genetic identity of Indonesian native chickens after export to the USA. There appear at least three maternal lineages of Indonesian chicken origins indicated by the median network profile of mtDNA D-loop haplotypes, namely (1) Cina, India, Japan dan Korea, (2). Bangladesh, China, India, Japan, Korea, Laos, Myanmar dan Thailand dan (3). Africa, Bangladesh, China, Europe, India, Japan, Korea, Mediteranian countries, and USA. Chicken domestication might be centered in China, India, Indonesia and other Southeast Asian countries, supporting multiple maternal origins of Indonesian native chickens. There were 3 Indonesian native chicken *breeds* (KDI, KPG dan SUM) identified as local *breed* which only can be found in Indonesia. A systematic breeding program of native chickens will be very important to retain the genetic diversity for future use and conservation.

The 2nd research used 216 individual chickens from 1st research. Chickens were grouped based on history of chicken breeding program, namely (1). Wild 1 (W1, AHH), (2). Wild 2 (AHM), (3). unselected chickens (UC), (4). moderately selected chickens (MC,), and (5). highly selected local chickens (HC,). Segregation sites, diplotype and nucleotide diversity of 16 Indonesian native chicken breeds were estimated using DnaSP version 5.10.01. Their phylogenetic tree was then constructed using Mr. Bayes' version 3.0. The immune response assay from boosting vaccination of NDV and H5N1 AIV were conducted exclusively for 30 individual chickens of ARGb.

The 2nd research reveals that chicken breeding history might drive the evolution of Mx gene and expand our understanding in process of chicken domestication. Seventy two (72) Single Nucleotide Polymorphisms SNPs) were observed in chicken Mx gene, included of a nonsynonomious mutation S631N that corresponds to Asn (AAT) or Ser (AGT). The Mx gene of Indonesian native chickens consisted of 779 amino acids. The UC chickens had a higher genetic diversity of Mx gene ($p < 0.05$) compared to MC and HC chickens. Three nucleotide mutations were found on exon 14 of chicken Mx gene, namely (1). Wild type (W) on HC chicken, (2). *Splice-site* mutation 1 (SS1) on UC, MC, Li and L2 chickens, dan (3). *Splice-site* mutation 2 (SS2) on UC, MC, L1 and L2. Three (3) and 32 nucleotides were lacked SS1 mutant and W, resulting a reduction of 1 and 8 amino acid, respectively, and suggesting a partial loss of the function of resistant allele



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

A/A in increasing the reactivity to NDV and H5N1 AIV, therefore the resistant allele A/A showed a weaker HI antibody response to NDV and H5N1 AIV than susceptible alleles. The SS2 mutant was predicted as the origin characteristic of Mx gene of Indonesian native chickens and junglefowls. The Mx gene could be used to differentiate jungle fowl species/subspecies and native chicken breeds. However, AHM shared similar Mx gene haplogroup with Indonesian native chickens. The close relationship between BJ dan BS from USA with Indonesian native chickens didn't find in this research. The Bayesian analysis also reveals that BkSr (a hybrid of the green junglefowl) and Indonesian native chickens shared similar Mx gene haplogroup, suggesting the possible contribution of AHH to chicken domestication.

This research proposes a new differentiation of Indonesian native chicken breeds and jungle fowls species/subspecies. The mtDNA d-loop could be used as a powerful marker to assess the maternal evolution of chicken breeds. However, the Mx gene could be also used together with or as apart of mtDNA d-loop for recent specific purposes. This research also provides molecular characteristics of Indonesian chickens that is very important to support national regulation (Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor: 117/Permentan/SR.120/10/2014 about determination and release of animal breed or line).

Keywords: breed differentiation, Indonesian native chicken, mtDNA d-loop, Mx gene, population structure, gene flow



© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak Cipta Milik IPB, Tahun 2016
Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan sesuatu masalah; dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.



**KERAGAMAN GENETIK AYAM ASLI INDONESIA
YANG LANGKA BERDASARKAN ANALISIS
SEKUEN KOMPLIT DAERAH D-LOOP MITOKONDRIA
DAN GEN *MYXOVYRUS* (M_x) *RESISTANCE***

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor
Pada
Program Studi Biosains Hewan

**SEKOLAH PASCA SARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2016**



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Penguji pada Ujian tertutup :

1. Prof Dr Ir Cece Sumantri MSc
Departemen Ilmu Produksi dan
Teknologi Peternakan, Fakultas
Peternakan, IPB
2. Dr Ir Yeni Aryati Mulyani MSc
Departemen Konservasi Sumberdaya
Hutan dan Ekowisata, Fakultas
Kehutanan, IPB

Penguji pada Ujian terbuka :

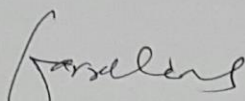
1. Dr Ir Bess Tiesnamurti MSc
Kepala Pusat Badan Litbang Pertanian,
Kementerian Pertanian RI
2. Prof Dr Ir Cece Sumantri MSc
Departemen Ilmu Produksi dan
Teknologi Peternakan, Fakultas
Peternakan, IPB

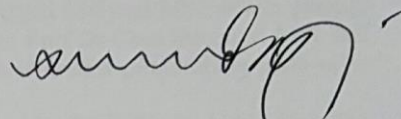


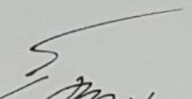
- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

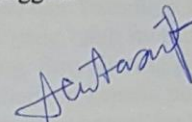
Judul Disertasi : Keragaman Genetik Ayam Asli Indonesia yang Langka berdasarkan Analisis Sekuen Komplit Daerah D-loop Mitokondria dan Gen *Myxovirus (Mx) Resistance*
Nama : Maria Ulfah
NIM : G362110061

Disetujui oleh
Komisi Pembimbing


Dr Ir Achmad Farajallah MSi
Ketua

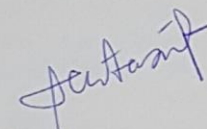

Prof Dr Ir Muladno MSA
Anggota

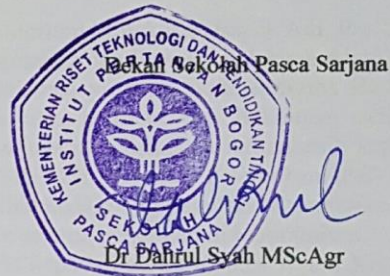

Dr Jakaria Spt MSi
Anggota


Dr Ir Rd R Dyah Perwitasari MSc
Anggota

Diketahui oleh

Ketua Progam Studi
Biosains Hewan


Dr Ir Rd R Dyah Perwitasari MSc



Tanggal Ujian: 18 JUL 2016

Tanggal Lulus: 18 JUL 2016

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT yang telah memberikan kesempatan kepada penulis untuk menyelesaikan disertasi yang berjudul Keragaman Genetik Ayam Asli Indonesia yang Langka berdasarkan Analisis Sekuen Komplit Daerah D-Loop Mitokondria dan Gen *Myxovirus* (Mx) *Resistance*. Disertasi ini disusun sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Doktor pada Program Studi Biosains Hewan, Sekolah Pasca Sarjana IPB.

Penulis menyampaikan terimakasih dan penghargaan yang tinggi kepada Dr Ir Achmad Farajallah MSi, Prof Dr Ir Muladno MSA, Dr Ir Jakaria SPt MSi, Dr Ir R R Dyah Perwitasari MSc selaku komisi pembimbing atas bimbingan selama studi penulis. Penulis juga menyampaikan terimakasih atas saran dan masukan kepada Prof Dr Cece Sumantri MSc dan Dr Ir Yeni Aryati Mulyani MSc selaku penguji luar komisi pembimbing pada ujian tertutup dan Prof Dr Cece Sumantri MSc dan Dr Ir Bess Tiesnamurti MSc selaku penguji luar komisi pembimbing pada ujian terbuka.

Penulis menyampaikan terimakasih kepada Prof Dr Ir Luki Abdullah MScAgr (Dekan Fakultas Peternakan IPB periode tahun 2012-2015) dan Prof Dr Ir Cece Sumantri MSc (Ketua Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan, Fakultas Peternakan IPB Periode tahun 2011-2014) yang telah memberikan izin tugas belajar bagi penulis. Kepada Dr Ir Bambang Suryobroto, penulis juga menyampaikan terimakasih atas kesempatan yang diberikan kepada penulis untuk belajar di Program Studi Biosains Hewan. Penulis juga menyampaikan terimakasih kepada Dr Ir R R Dyah Perwitasari MSc (Ketua Program Studi Biosains Hewan Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam IPB) atas pengertian, semangat dan dukungan dalam penyelesaian studi penulis. Ucapan terimakasih juga penulis sampaikan kepada Direktorat Jenderal Perguruan Tinggi, Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan Republik Indonesia atas dukungan beasiswa BPPS 2011 kepada penulis. Kepada SEAMEO BIOTROP, Penulis juga menyampaikan terimakasih atas dukungan hibah penelitian bagi mahasiswa pasca sarjana 2014.

Kepada teknisi dan laboran di Laboratorium Molekuler (Bapak Adi, Ibu Tini) dan Laboratorium Terpadu, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam IPB (Ibu Retno dan Ibu Etik) dan staf administrasi program studi Biosains Hewan, penulis juga mengucapkan terimakasih atas bantuan dan dukungan selama penelitian dan penyelesaian studi. Penulis juga mengucapkan terimakasih kepada Eryk Andreas SPt MSi, Roaslien Putri SPt MSi (Fakultas Peternakan IPB) dan Yanti Aryanti Hermawan, SP MSi (Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam IPB) atas bantuan selama penelitian di laboratoium.

Terimakasih juga penulis sampaikan kepada Panitia Kontes Ayam Ketawa 2013 (Fakultas Kedokteran Hewan IPB), Panitia Kontes Ayam Pelung 2014, (Fakultas Peternakan IPB), Ketua Komunitas Pecinta Ayam Kukuak Balenggek, Kabupaten Solok, Sumatera Barat (Bapak Nardi Sumardi), Keluarga Penggemar Ayam Bekisar Indonesia (KEMARI), Trias Farm (Bapak Budi Miharso dan Bapak Agus), para peternak ayam Indonesia yang ada di Madura, Jawa, Sumatera, Kalimantan dan Sulawesi, Lusiana SPt, Ayu Febriyanti SPt, dan Edi Susanto SPt. atas bantuannya dalam menyiapkan sampel penelitian yang digunakan pada disertasi ini. Penulis juga menyampaikan terimakasih kepada Prof Kono Tomohiro

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

(NODAI Genome Research Center, Tokyo University of Agriculture, Tokyo, Jepang; Department of Bioscience, Tokyo University of Agriculture, Tokyo, Jepang), Alison Martin PhD (*The Livestock Conservancy*, Pittsboro, NC, USA) dan Ben Dorshort PhD (*Department of Animal and Poultry Sciences*, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA) atas dukungan dan bantuan dalam penyediaan sampel ayam dari USA. Terimakasih juga kami ucapkan kepada Dr Ryouka-Kawahara Miki, Dr Taichiro Ishige, Dr Kanako Morohaku, Rumi Ohtake san, and Eri Kubota san (NODAI Genome Research Center, Tokyo University of Agriculture, Tokyo, Jepang) atas semangat yang diberikan selama penelitian. Kepada teman-teman di Laboratorium Molekuler, Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam IPB dan teman-teman S3 angkatan 2011 (Ibu R R Sri Catur, Ibu FX W. Padmarsari, Mas Andy Darmawan, Mas Ronny, Bapak Jusmaldi, Bapak Keliopas Krey) atas semangat dan kebersamaan selama studi.

Ucapan terimakasih yang tak terhingga juga penulis sampaikan kepada Ibunda Hj Ningrum Supiyah, Ayahanda H Monar Baihaqi (Alm), Ibunda mertua Sri Soepadmi (Alm) dan Ayahanda mertua Soepardi (Alm) atas do'a untuk kami. Untuk suami yang penuh sayang, Dr Rinekso Soekmadi, dan *princess* Khumaira Anindya Soekmadi, keluarga Drs H Emi Asfihan, Lilik Dwi Utami SPd, Nana Khoirul Anwar ST, penulis juga menyampaikan terimakasih atas kasih sayang, dukungan, pengertian, semangat dan do'a yang tidak pernah putus untuk penyelesaian studi penulis. Semoga disertai ini akan bermanfaat bagi ilmu pengetahuan, khususnya di bidang perunggasan.

Bogor, Juni 2016

Maria Ulfah
NIM: G362110061



DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	
DAFTAR GAMBAR	
DAFTAR LAMPIRAN	
1 PENDAHULUAN	
Latar belakang	1
Pemanfaatan ayam Indonesia	5
Karakterisasi keragaman genetik ayam	6
Tujuan penelitian	8
Ruang lingkup penelitian	8
Kerangka pemikiran penelitian	9
Keterbaruan (novelty) penelitian	9
Materi dan metode penelitian secara umum	10
2 PENENTUAN RUMPUN (<i>BREED</i>) AYAM INDONESIA BERDASARKAN ANALISIS SEKUEN KOMPLIT DAERAH D- LOOP MITOKONDRIA (MTDNA D-LOOP)	
Pendahuluan	21
Materi dan metode	23
Hasil penelitian	26
Pembahasan	33
Simpulan	47
3 VARIASI DAN EVOLUSI GEN <i>MYXOVIRUS</i> (Mx) <i>RESISTANCE</i> PADA AYAM INDONESIA BERDASARKAN SEJARAH PROGRAM SELEKSI DAN PEMBENTUKAN <i>BREED</i>	
Pendahuluan	49
Materi dan metode	51
Hasil penelitian	54
Pembahasan	66
Simpulan	73
4 PEMBAHASAN UMUM	
Sekuen mtDNA d-loop dan gen Mx sebagai penanda genetik dalam diferensiasi subspecies dan spesies ayam hutan	75
Implikasi keragaman mtDNA d-Loop dan gen Mx bagi diferensiasi <i>breed</i> ayam Indonesia, pemanfaatan dan pelestariannya	77
Usulan dalam Diferensiasi dan Penetapan <i>Breed</i> dan Galur Ayam Indonesia dan Kebutuhan Penelitian di Masa Mendatang	81
5 SIMPULAN	89
DAFTAR PUSTAKA	90
RIWAYAT HIDUP	121

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



DAFTAR TABEL

1	<i>Breed</i> ayam lokal Indonesia dan pemanfaatanya	1
2	Sampel ayam yang digunakan dalam penelitian	13
3	Sekuen primer untuk amplifikasi daerah D-loop mtDNA ayam pada penelitian ini	24
4	Kategori <i>breed</i> ayam berdasarkan pada wilayah regional penyebaran berdasarkan <i>State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture</i> (SoW-AnGR) (FAO 2007)	26
5	Sampel ayam, keragaman <i>haplotype</i> dan nukleotida mtDNA D-loop ayam pada penelitian ini	29
6	Kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen mtDNA d-loop ayam berdasarkan perkiraan Markov Chain Monte Carlo (MCMC)	31
7	Kategori <i>breed</i> ayam Indonesia berdasarkan pada wilayah regional penyebarannya (<i>State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture</i> , SoW-AnGR)	33
8	Sekuen primer yang digunakan untuk mengamplifikasi gen Mx ayam pada penelitian ini	53
9	Jumlah <i>haplotype</i> , keragaman <i>haplotype</i> dan nukleotida gen Mx ayam berdasarkan sejarah seleksi dan pembentukan <i>breed</i> atau galur ayam	56
10	Rataan jumlah perbedaan <i>pairwise</i> F_{ST} sekuen gen Mx antar kelompok ayam	56
11	Analisis keragaman molekuler (AMOVA) antar sekuen gen Mx ayam berdasarkan sejarah seleksi dan pembentukan <i>breed</i> atau galur ayam	57
12	Frekuensi alel A dan G pada posisi nukleotida ke 1892 bp (S631N) dan mutasi <i>splice-site</i> (SS) pada gen Mx ayam berdasarkan sejarah seleksi dan pembentukan <i>breed</i> atau galur ayam	63
13	Rataan dan standar deviasi titer antibodi HI terhadap <i>boosting</i> vaksinasi NDV dan H5N1 AIV pada ayam arab <i>golden</i> (ARGb) umur 20 minggu yang memiliki alel resisten (A/A) dan rentan (A/G dan G/G) pada gen Mx nya.	63
14	Kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen gen Mx ayam berdasarkan perkiraan Markov Chain Monte Carlo (MCMC)	65

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

DAFTAR GAMBAR

1	Ayam asli Indonesia yang langka dan ayam hutan yang digunakan pada penelitian ini. A. <i>Black Sumatera</i> (BS) dari USA. B. Sumatera (SUM). C. Bekikuk (Bkk). D. Leher gundul (GUN). E. Walik (WLK). F. BURGO (BRG). G. Ayam hutan merah dari Sumatera (AHMs). H. Ayam hutan merah dari pulau Jawa. I. Bekisar (BkSr). J. Ayam hutan hijau (AHH). Foto oleh Adhy Aryanto (I), Amin Haitami (F), Jeannette Beranger (A), Marka Hidayat (B), M. Fatchur Rohim (G), Maria Ulfah (D, E), Rahman Hidayat (H) dan Reza Aulia Ahmadi (J)	3
2	Outline kerangka pemikiran penelitian karakteristik mtDNA D-loop dan gen Mx ayam asli Indonesia	10
3	Ayam Indonesia yang digunakan dalam penelitian ini. A. Ayam arab <i>golden red</i> dari Jawa Barat (ARGb). B. Ayam arab <i>silver</i> (ARS). C. Ayam arab <i>golden red</i> dari Jawa Timur (ARGt). D. <i>Black java</i> (BJ) dari Amerika Utara. E. Cemani (CMN). F. Gaga' (GAG). G. Kampung (KPG). H. Kedu hitam (KDh). I. Kedu putih (KDP). J. Pelung (PLG). K. Kukuak balenggek (AKB). L. Nunukan (NNK). M. Sentul debu dan N. Sentul batu (STL). Foto oleh Jeannette Beranger (E) dan Maria Ulfah (A-D, F-N)	17
4	Ayam hias yang digunakan dalam penelitian ini. A. BgK <i>silver</i> . B. BgK merah. C. KT <i>wido (silver)</i> . D. KT silki. E. KT <i>silver</i> . F. Kate <i>dun</i> . G. KT putih. H. SRM merah. Foto oleh Ayu Febrianti (B), Maria Ulfah (A, C-H)	17
5	Varian yang ditemukan pada ayam bekisar (BKSR) dan ayam burgo (BRG). A. BkSr merah. B. BkSr hitam. C. BkSr <i>jali emas</i> (kuning). D. BkSr putih. E. BRG merah. F. BRG putih. G. BRG merah. H. BRG <i>wido (silver)</i> . Foto oleh Adhy Aryanto (A), Amin Haitami (E dan F), Arma Kartika (B-D), Maria Ulfah (H) dan Roaslien Putri (G)	18
6	Varian yang ditemukan pada ayam leher gundul (GUN) dan walik (WLK). A. GUN lurik. B. GUN <i>wido (silver)</i> . C. GUN hitam. D. GUN <i>dun</i> . E. GUN putih. F. WLK <i>wido (silver)</i> . G. WLK putih. H. WLK <i>blorok (laced mottled)</i> . I. WLK merah. J. WLK <i>wido (silver)</i> . K. Walik merah	18
7	Varian yang ditemukan pada ayam kukuak balenggek (AKB). A dan B. AKB hitam. C. AKB <i>silver</i> . D. AKB <i>laced mottled</i> . E. AKB <i>wido (silver)</i> . F. AKB putih. Foto oleh Farry Yudhi Sutami (D), Nardi Sumadi (C, E dan F) dan Maria Ulfah (A dan B)	19
8	Varian yang ditemukan pada ayam kampung (KPG). A. KPGs hitam. B. KPGj merah. C. KPGd merah. D. KPGl <i>blorok hitam (black mottled)</i> . E. KPGd putih. F. KPGb <i>silver</i> . Foto oleh: Ayu Febriani (A), Maria Ulfah (B, C, D, E) dan Bandi (F).	19



1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

9	Varian yang ditemukan pada ayam gaga' (GAG). A. GAG putih. B. GAG merah. C. GAG <i>wido</i> (silver). D dan E. GAG putih. Foto oleh Maria Ulfah (A-E).	20
10	Varian yang ditemukan pada ayam pelung (PLG). A, B dan C. PLG merah. D. PLG <i>wido</i> (silver). E. PLG <i>blorok</i> merah (<i>laced mottled</i>). Foto oleh Brigita Laura (C), Maria Ulfah (A, D, F) dan Ridwan (B).	20
11	<i>Haplogroup</i> mtDNA D-loop ayam Indonesia yang langka (D, E), ayam lokal Indonesia yang lain (C, D, E, Y), ayam domestik dan ayam hutan dari negara-negara lain di dunia (A-I, W-Z) yang terbentuk berdasarkan <i>unrooted neighbor-joining</i> (NJ). <i>Haplogroup</i> ayam hutan merah dari Jawa (AHMj), Sumatera (AHMs), ayam hutan hijau dari Madura (AHHm), Jawa (AHHj) dan Bali (AHHb) masing-masing disebut dengan J, Sm, Vm, Vj dan Vb	27
12	Pohon filogeni dari sekuen mtDNA D-loop ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, SUM, WLK dan GUN), ayam Indonesia yang lain dan ayam hutan berdasarkan analisis Bayesian (Ronquist and Huelsenbeek 2003). Ayam Indonesia terbagi menjadi 5 kelompok: kelompok III (BkSr), IV (BRG dan ayam Indonesia yang lain), V (AKB dan ayam ornamental), VI (WLK dan ayam lokal Indonesia yang lain) dan VII (BkSr, ayam ornamental dan ayam ras komersial). Ayam hutan hijau (AHH) pada kelompok I dan ayam hutan merah (AHM) pada kelompok II diduga sebagai nenek moyang ayam lokal Indonesia	30
13	Profil <i>Median Joining</i> (MJ) <i>Network</i> dari <i>haplotype</i> mtDNA D-loop yang teridentifikasi pada ayam asli Indonesia. Tatanama <i>haplotype</i> mengikuti <i>haplotype</i> utama yang dijelaskan oleh Miao <i>et al.</i> (2013). Ukuran lingkaran mengidentifikasikan frekuensi dari <i>haplotype</i> . Tanda * menunjukkan akar penghubung (<i>root</i>) aliran genetik. Ayam hutan hijau (AHH702) digunakan sebagai <i>outgroup</i> dalam analisis MJ <i>network</i>	32
14	Hipotesa sejarah perpindahan manusia yang terjadi di Indonesia dan pengaruhnya terhadap perpindahan dan pembentukan <i>breed</i> ayam Indonesia	44
15	Struktur gen Mx ayam Indonesia. CDS: <i>coding sequence</i> E: panjang masing-masing ekson. SNPs: jumlah Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) yang ditemukan di setiap ekson. ISRE: <i>interferon stimulating response</i> . SS1: tipe <i>mutasi splice site</i> 1. SS2: tipe <i>mutasi splice-site</i> 2. W: <i>mutasi tipe liar</i> (<i>wild type</i>). Huruf yang berwarna biru menunjukkan jumlah SNPs yang ditemukan pada setiap ekson. Visualisasi struktur gen Mx ayam disesuaikan dengan penelitian Li <i>et al.</i> (2007).	55
16	Keragaman nukleotida (π) gen Mx ayam. Keragaman nukleotida (π) dihitung berdasarkan Jukes dan Cantor (1969)	57



1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

17	Profil sekuen daerah promotor, 5'UTR, ekson 1 dan ekson 2 gen Mx ayam asli Indonesia. Tanda +1 menunjukkan awal dari <i>coding start site</i> (CDS). Adanya SNPs ditunjukkan dengan huruf yang berwarna merah).	59
18	Tipe mutasi <i>splice-site</i> (SS) yang ditemukan pada ekson 14 gen Mx ayam yang menyebabkan perbedaan panjang ekson (<i>frameshift</i> mutation): (1). Tipe liar (<i>wild type</i> , W) dengan panjang ekson 206 bp yang ditemukan pada <i>breed</i> ayam Indonesia yang tidak mengalami seleksi (<i>unselected chicken</i> , UC) dan tingkat seleksi tinggi (<i>highly selected chicken</i> , HC), (2). Mutasi SS1 dengan panjang ekson 211 bp yang ditemukan pada kelompok ayam UC, MC dan HC, dan (3). Mutasi SS2 dengan panjang ekson 234 bp yang ditemukan pada kelompok AHH (L1), AHMj dan AHMs (L2), kelompok UC dan MC. Mutan SS1 dan W masing-masing kehilangan tiga (3) dan tiga puluh dua (32) basa nukleotida pada ekson 14 gen Mxnya.	60
19	Runutan asam amino yang dihasilkan dari mutasi tipe <i>splice site</i> (SS) dan tipe liar (<i>wild type</i> , W) gen Mx ayam yang digunakan pada penelitian ini. Tipe W dan dan mutan SS1 masing-masing kehilangan delapan (8) dan satu (1) asam amino dibandingkan dengan mutan SS2. [†] <i>Breed</i> ayam yang mempunyai latarbelakang wabah penyakit <i>Avian Influenza</i> (AI) dan <i>Newcastle Disease</i> (ND). [∞] Ayam asli Indonesia yang langka.	61
20	<i>Single nucleotide polymorphism</i> (SNP) pada posisi basa nukleotida ke 1892 bp (S631N) gen Mx ayam yang ditemukan pada penelitian ini, alel resisten (A/A) dan alel rentan (A/G dan G/G). Tanda anak panah menunjukkan basa nukleotida yang mengkode Asn (AAT) atau Ser (AGT) pada asam amino ke 631.	62
21	Pohon filogeni dan struktur populasi ayam Indonesia, ayam introduksi dan ayam hutan berdasarkan keragaman genetik gen Mx yang dianalisis berdasarkan pendugaan Bayesian (Ronquist and Huelsenbeek 2003). Ayam Indonesia pada <i>diplogroup</i> II dan III secara jelas terpisah dengan <i>haplogroup</i> I (AHHm dan AHHj). <i>Diplogroup</i> II didominasi oleh ayam-ayam pada kelompok <i>highly selected chicken</i> (HC), sedangkan <i>diplogroup</i> III didominasi oleh ayam pada kelompok Liar 2 (L2), <i>unselected chicken</i> (UC) dan <i>moderately selected chicken</i> (MD). Angka yang mengikuti kode nama spesies atau sub spesies atau <i>breed</i> atau galur ayam menunjukkan nomor sampel ayam.	66
22	Kerangka pemikiran proses pembentukan ayam Indonesia. AHH: ayam hutan hijau. AHM: ayam hutan merah. BkSr: ayam bekisar. Bkk: ayam bekikuk. BRG: ayam burgo	79



DAFTAR LAMPIRAN

1	Sekuen mtDNA d-loop ayam yang digunakan pada penelitian ini	106
2	Hasil analisis sekuen gen Mx dengan menggunakan program Arlequin (Bab 3)	117

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



PENDAHULUAN UMUM

Latar Belakang

Sumber daya genetik (SDG) ternak merupakan ternak atau material genetiknya, yang mengandung unit-unit yang berfungsi sebagai pembawa sifat keturunan, baik yang bernilai aktual maupun potensial, yang dapat dipergunakan untuk menciptakan rumpun atau galur baru. Rumpun (*breed*) ternak didefinisikan sebagai suatu kelompok hewan dari suatu spesies yang mempunyai ciri-ciri fenotipe yang khas dan dapat diwariskan pada keturunannya. Sekelompok individu ternak dalam suatu *breed* yang dikembangkan untuk tujuan pemuliaan dan/atau karakteristik tertentu disebut dengan *galur* (Kementerian Pertanian Republik Indonesia 2008, 2014), sehingga determinasi *breed* ternak dapat dilakukan berdasarkan karakteristik fenotipe dan molekuler (Kementerian Pertanian Republik Indonesia 2014).

Pembentukan *breed* ternak diawali dengan proses domestikasi yang berhubungan dengan sejarah yang dialami oleh ternak. *Breed* ternak secara umum dibentuk oleh gabungan dari faktor-faktor biologi seperti tetua asal yang murni (*foundation*), proses isolasi dan seleksi oleh manusia untuk menghasilkan karakteristik penciri masing-masing *breed* yang akan diwariskan kepada keturunannya dan juga kondisi lingkungan (Sponenberg *et al.* 2014). Zeder (2012) juga mengemukakan bahwa dalam proses domestikasi dan seleksi terhadap karakteristik penciri *breed* ternak yang dipilih oleh manusia pada umumnya terkait dengan sosial budaya masyarakat dan mempunyai nilai kemanfaatan yang tinggi, terutama nilai ekonomi.

Pemerintah Republik Indonesia (2011) telah mengelompokkan ternak sebagai: (1) Ternak asli, yaitu ternak asal-usulnya murni berasal dari Indonesia, kerabat liarnya juga berasal dari Indonesia, dan proses domestikasinya terjadi di Indonesia, (2) Ternak lokal, yaitu ternak hasil persilangan atau introduksi dari luar negeri yang telah dikembangkan di Indonesia sampai generasi kelima atau lebih yang telah beradaptasi pada lingkungan dan/atau manajemen setempat, termasuk sosial, ekonomi dan budaya setempat, dan (3). Ternak introduksi, yaitu ternak yang dimasukkan dari luar negeri, baik yang sudah maupun yang belum terbukti dapat beradaptasi dengan lingkungan di Indonesia. Berdasarkan karakteristik fenotipe ayam, setidaknya telah teridentifikasi 27 *breed* ayam asli Indonesia dan 14 ayam lokal Indonesia (Sartika dan Iskandar 2007) (Tabel 1) dan diantaranya juga dikategorikan sebagai ayam asli Indonesia yang langka yang masih perlu dieksplorasi lebih lanjut karena terbatas populasinya, pemanfaatan dan belum tersedia data biologinya. Ayam bekisar (BkSr), burgo (BRG), leher gundul (GUN), Sumatera (SUM) dan walik (WLK) merupakan contoh ayam asli Indonesia yang langka. Secara umum, FAO (2008) juga mengkategorikan ayam asli dan ayam lokal sebagai ayam bukan ras (*buras*) untuk membedakannya dengan ayam introduksi yang dihasilkan dari industri ayam ras yang menggunakan program sistem pemuliaan (*breeding system*) yang sistematis. Menurut BPS (2015), populasi ayam Indonesia sebesar 290 455 201 ekor atau hanya memenuhi sebesar 16% kebutuhan konsumen akan protein hewani.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Tabel 1. *Breed* ayam Indonesia dan pemanfaatannya

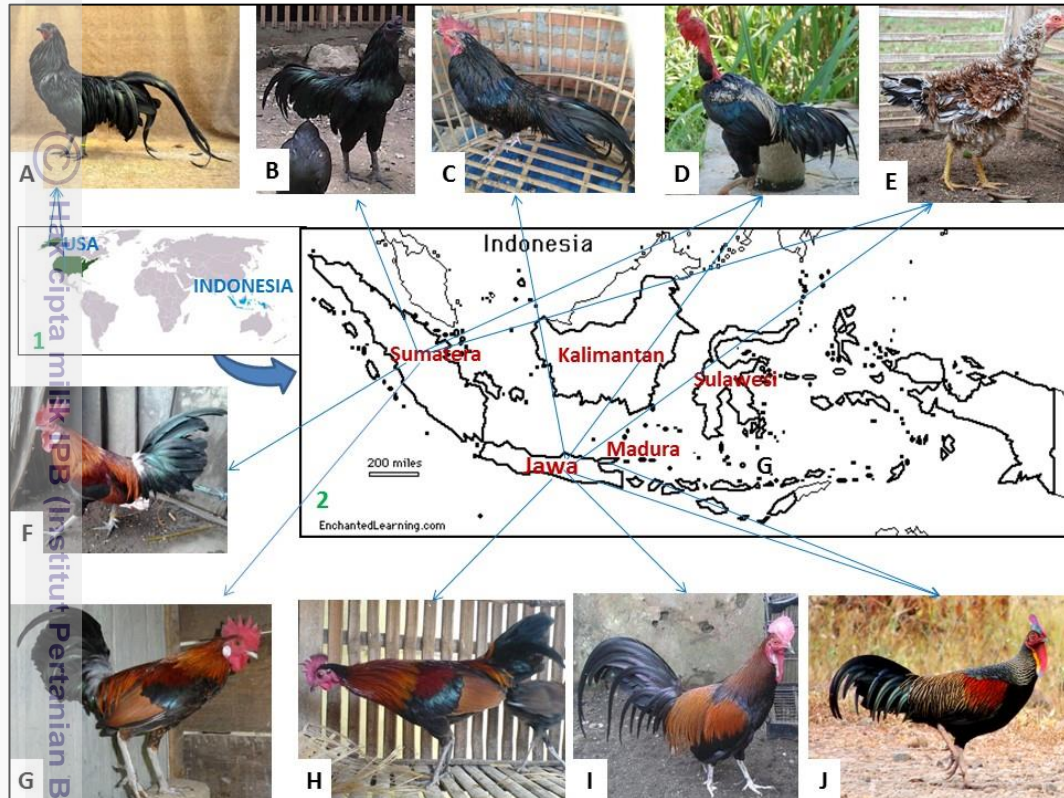
No	Nama	Daerah asal	Tipe pemanfaatan
Ayam asli Indonesia			
1	Ayunai (leher gundul) [¥]	Merauke, Papua	Dwiguna ^{*+}
2	Banten [¥]	Banten, Jawa Barat	Petarung ^{*+}
3	Bangkalan	Madura	Dwiguna ^{*+}
4	Bekisar [¥]	Madura	Pesuara ^{*+}
5	Burgo [¥]	Sumatera Selatan	Hias ^{*+}
6	Ciparage [¥]	Karawang, Jawa Barat	Petarung ^{*+}
7	Gaok	Madura	Pedaging [*] , pesuara ⁺
8	Jalak harupat	Bandung, Garut, Tasikmalaya dan Ciamis	NI ⁺
9	Jantur [¥]	Subang, Jawa Barat	Dwiguna ⁺
10	Kampung	Tersebar	Dwiguna ^{*+}
11	Kalosi	Sulawesi Selatan	Dwiguna ⁺
12	Cemani	Temanggung, Jawa Tengah	Pengobatan, religi ⁺
13	Kukuak balenggek	Solok, Sumatera Barat	Pesuara ⁺
14	Lamba [¥]	Garut, Jawa Barat ⁺	NI ⁺
15	Melayu	Sumatera Utara	Dwiguna ⁺
16	Nagrak	Sukabumi	Pedaging ⁺
17	Nusa penida [¥]	Nusa Penida, Bali	Petelur ⁺
18	Olagan	Bali	Dwiguna ⁺
19	Pelung	Cianjur, Jawa Barat	Pedaging, pesuara ⁺
20	Sedayu	Magelang, Jawa Tengah	Pedaging ⁺
21	Sentul	Ciamis, Jawa Barat	Dwiguna ⁺
22	Siem	Jawa	Dwiguna ⁺
23	Sumatera [¥]	Sumatera Bagian Tengah	Petelur ⁺
24	Tolaki	Sulawesi Selatan	Petarung ⁺
25	Tukong [¥]	Kalimantan Barat	Hias ⁺
26	Walik [¥]	Tersebar	Dwiguna ⁺
27	Wareng	Jawa	Petelur ⁺
Ayam lokal Indonesia			
1	Arab <i>golden</i>	Arab, Belgia	Petelur ⁺
2	Arab <i>silver</i>	Arab, Belgia	Petelur ⁺
3	Bangkok	Thailand	Petarung ⁺
4	Delona	NI	Petelur ⁺
5	Kedu hitam	Temanggung, Jawa Tengah	Petelur ⁺
6	Kedu putih	Temanggung, Jawa Tengah	Petelur ⁺
7	Merawang	Sumatera Selatan	Petelur dan pedaging ⁺
8	Nunukan	Kalimantan Timur	Petelur [*]
9	Jepun	Jepang	Hias ⁺
10	Kate	Cina	Hias ⁺
11	Kapas	Cina	Hias ^{*+}

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

No	Nama	Daerah asal	Tipe pemanfaatan
12	Mutiara	Cina	Hias ⁺
13	Poland	Polandia	Hias ⁺
14	Serama	Malaysia	Hias ⁺

Keterangan: *Nataamijaya (2000). ⁺Sartika dan Iskandar (2007). [¥] Ayam asli Indonesia yang langka. NI: tidak tersedia data. Dwiguna: pedaging dan petelur.



Gambar 1 Ayam asli Indonesia yang langka dan ayam hutan yang digunakan pada penelitian ini. A. *Black Sumatera* (BS) dari USA. B. Sumatera (SUM). C. Bekikuk (Bkk). D. Leher gundul (GUN). E. Walik (WLK). F. BURGO (BRG). G. Ayam hutan merah dari Sumatera (AHMs). H. Ayam hutan merah dari pulau Jawa. I. Bekisar (BkSr). J. Ayam hutan hijau (AHH). Foto oleh Adhy Aryanto (I), Amin Haitami (F), Jeannette Beranger (A), Marka Hidayat (B), M. Fatchur Rohim (G), Maria Ulfah (D, E), Rahman Hidayat (H) dan Reza Aulia Ahmadi (J).

Di Indonesia, penentuan *breed* ayam yang ada saat ini masih berdasarkan karakteristik fenotipe ayam (Kementerian Pertanian Republik Indonesia 2006, 2011abcd, 2014), sehingga masing-masing *breed* ayam Indonesia masih memiliki keragaman fenotipe yang tinggi dan belum dapat diperkirakan tingkat perbedaan genetik di antara mereka, oleh karena itu sering ditemukan kerancuan dalam penyebutan *breed* dan galur ayam. Oleh karena itu Wollny (2003) mengemukakan bahwa di samping karakteristik fenotipe, analisis karakteristik genetik dan molekuler juga merupakan salah satu syarat utama dalam pemanfaatan dan pelestarian *breed* ternak. Lebih lanjut, Simianer (2005) juga mengemukakan bahwa pelestarian *breed* ayam asli tidak hanya penting untuk memastikan

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

keberlangsungan ekonomi peternak asli di wilayah tersebut yang sangat tergantung pada *breed* asli, tetapi juga berhubungan dengan kebijakan nasional negara setempat. Sumberdaya genetik (SDG) ayam juga dapat menjadi asset penting dalam program pemuliaan di masa mendatang (Pemerintah Republik Indonesia 2011).

Breed ternak murni merupakan sekelompok individu ayam dalam suatu rumpun atau galur yang diseleksi dan dikembangkan tanpa melalui proses persilangan dengan rumpun atau galur lain (Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 48 tahun 2011). Sartika (2012) menggerisbawahi bahwa terbatasnya *breed* murni ayam asli Indonesia sebagai sumber bibit menyebabkan produksi massal ayam Indonesia sesuai dengan karakteristik penciri *breed* masih mengalami kesulitan. Upaya persilangan antar *breed* ayam asli Indonesia maupun antara ayam asli Indonesia dengan ayam introduksi sudah banyak dilakukan di Indonesia (Iskandar *et al.* 1997; Gunawan dan Sartika 2001; Zaenal *et al.* 2012; Saiti *et al.* 2015). Pelepasan *breed* atau galur baru dari hasil persilangan tersebut ke lokasi wilayah geografi sumber bibit ayam asli Indonesia dikhawatirkan akan menyebabkan erosi genetik ayam asli Indonesia. Sulandari *et al.* (2009), FAO (2007), Kawabe *et al.* (2014) menggaris bawahi bahwa meningkatnya import ayam introduksi terutama ayam petelur (layer) dan pedaging (broiler) komersial dan juga ayam ornamental dari negara-negara lain ke negara asal dikhawatirkan dapat meningkatkan erosi genetik ayam lokal di suatu negara sehingga pembinaan dan pengawasan yang ketat oleh pemerintah terhadap masyarakat dan badan usaha yang melakukan pembudidayaan dan pemuliaan yang menggunakan ternak introduksi. Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 48 tahun 2011 juga menetapkan bahwa pemuliaan SDG ternak asli atau lokal dengan cara persilangan dengan menggunakan ternak introduksi harus tetap mempertahankan gen tetua SDG ternak asli atau lokal. Jika status populasi ternak asli atau lokal yang digunakan dalam program pemuliaan memiliki status populasi yang tidak aman, maka penyelenggaraan pemuliaannya harus memperoleh izin dari pemerintah (Menteri Pertanian).

Menurut Zeder (2012) dan Sponenberg *et al.* (2014), kondisi lingkungan juga sangat menentukan tingkat keberlangsungan hidup suatu *breed* hewan. Tingkat kejadian penyakit viral yang mematikan, terutama tetelo (*New-castle Diseases*, ND), flu burung (avian influenza, AI) dan gumboro (*Infectious Bursal Disease*, IBD) di Indonesia yang masih tinggi (Medion 2014) diperkirakan juga menjadi salah satu masalah utama yang mengancam keberlangsungan hidup dan pengembangan ayam lokal. Samariyanto (2005) menduga wabah AI di Indonesia yang mulai terjadi tahun 2003 menjadi salah satu penyebab utama menurunnya populasi ayam Indonesia (asli dan lokal) sehingga meningkatkan kelangkaan ayam. FAO (2007) juga mengemukakan bahwa tingkat kematian yang tinggi akibat kejadian penyakit pandemik telah diketahui sebagai salah satu penyebab utama hilangnya *breed* ternak. Total *breed* unggas dalam kondisi terancam punah di negara berkembang meningkat dengan pesat, yaitu dari 20% menjadi 34% di Afrika, dari 32% menjadi 37% di Asia dan Pasifik dan dari 5% menjadi 45% di Amerika Latin, dimana presentasi tertinggi di antara unggas yang lain terjadi pada ayam yaitu mencapai 33% dan 40% *breed* ayam juga dinyatakan sudah punah. Sehingga upaya untuk mempertahankan *breed* ayam lokal yang memiliki adaptasi yang tinggi terhadap lingkungan dan kejadian penyakit sangat penting untuk

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dilakukan sebagai upaya untuk menjaga *breed* ayam lokal terutama yang distribusi dan populasinya terbatas (langka).

Pemanfaatan Ayam Indonesia

Ayam Indonesia secara umum dimanfaatkan sebagai penghasil pangan, pemanfaatan di bidang religi, pertunjukan dan kegemaran baik untuk lomba suara, penampilan maupun kemampuan bertarung (Tabel 1). Pada kategori ayam asli Indonesia yang langka untuk tujuan pertunjukan suara, ayam bekisar (BkSr) (Gambar 1) diketahui berasal dari Kabupaten Sumenep (Pulau Madura) yang merupakan hasil perkawinan antara ayam hutan hijau jantan (AHH, *Gallus varius*) dengan ayam lokal Indonesia (terutama ayam kampung) (Nataamijaya 2000, Sartika dan Iskandar 2007) sehingga kemungkinan masih mempunyai kesamaan karakteristik spesifik dengan AHH. Menurut Nishibori *et al.* (2006), Sawai *et al.* (2010), dan Miao *et al.* (2013) kontribusi AHH dalam proses domestikasi ayam sampai saat ini juga masih menjadi pertanyaan. Oleh karena itu penelitian untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara BkSr dengan ayam pesuara dan ayam lokal Indonesia yang lain diyakini akan bermanfaat untuk memahami kontribusi AHH dalam proses domestikasi ayam. Miao *et al.* (2013) juga menduga kemungkinan adanya kontribusi AHH terhadap proses domestikasi ayam di dunia dan menyarankan adanya penelitian lebih lanjut untuk membuktikannya.

Ayam bekikuk (Bkk) (Gambar 1) yang merupakan hasil perkawinan antara BkSr jantan dengan AHH betina pada umumnya digunakan sebagai ayam hias. Namun demikian, Bkk yang mempunyai karakteristik yang sama dengan BkSr juga dimanfaatkan sebagai ayam pesuara untuk tujuan kontes. Sampai saat ini belum banyak data yang tersedia tentang Bkk. Mengingat Bkk merupakan hasil persilangan antara antara BkSr jantan dengan AHH betina, oleh karena itu perlu dilakukan analisis tentang kontribusi AHH dalam pembentukan *breed* ayam Indonesia secara umum.

Ayam sumatera (SUM) (Gambar 1) pada awalnya dikenal sebagai ayam petarung, namun saat ini SUM dikategorikan sebagai ayam untuk ayam hias dan penghasil pangan. Pada abad ke delapan belas (18), SUM diduga dibawa ke India, Eropa dan Amerika bersama-sama dengan ayam *black java* (BJ) atau kedu hitam (KDh) (Bennet 1856, Cooper 1869, Finsterbusch 1929, Eukarius 2007, Roberts 2008) dan selanjutnya dimasukkan dalam *American Poultry Association Standard of Perfection* pada tahun 1883 dan diberi nama *black sumatera* (BS) pada tahun 1906 (Eukarius 2007, Roberts 2008, *The American Poultry Association* 2010). Berdasarkan wilayah geografi asalnya, SUM kemungkinan mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dengan ayam asli Indonesia lain yang berasal dari pulau Sumatera seperti ayam leher gundul (GUN, dimanfaatkan untuk tujuan ritual keagamaan, sebagai ayam hias dan dwiguna) dan walik (WLK, dimanfaatkan untuk tujuan ritual keagamaan, sebagai ayam hias dan dwiguna), kukuak balenggek (AKB sebagai ayam pesuara), burgo (BRG sebagai ayam hias). Ayam BRG merupakan hasil perkawinan antara ayam hutan merah dari sumatera (AHMs) dengan ayam kampung. Berdasarkan karakteristik fenotipenya (Sartika dan Iskandar 2007), BRG mempunyai kemiripan dengan AKB. Mengingat AKB mempunyai karakteristik pola suara yang identik dengan GAG (Bugiwati dan Ashari 2014), diperkirakan AKB dan GAG kemungkinan juga mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dengan BRG dan SUM. Namun demikian, transportasi SUM dari Indonesia ke Amerika yang terjadi lebih dari 200 tahun yang lalu kemungkinan menyebabkan populasi SUM dari Indonesia berbeda dengan BS dari USA. Penyediaan data molekuler dari ayam lokal Indonesia akan menjelaskan hubungan kekerabatan, diferensiasi *breed* ayam dan juga kontribusi ayam hutan dalam proses domestikasi ayam di Indonesia.

Karakterisasi Keragaman Genetik Ayam

Proses adaptasi terhadap lingkungan lokal diketahui menghasilkan keunikan karakteristik genetik ayam yang penting bagi pemanfaatan ayam. Secara umum, ayam asli di negara tropis seperti Indonesia diperkirakan memiliki adaptasi yang baik terhadap sistem produksi lokal yang dicirikan dengan minimnya suplai sumberdaya dan manajemen pemeliharaan dan tingginya serangan penyakit dan parasit (FAO 2008). Ayam asli di negara tropis pada umumnya memiliki gen-gen mayor seperti gen kerdil (*dwarf*, Dw), leher gundul (*naked neck*, Na), berbulu terbalik (*frizzle*, F), *silky* (H), hitam (*fibro-melanosus*, Fm), *pea comb* (P) dan lambat bulu (*slow feathering*, K). Gen-gen mayor tersebut telah diketahui mempunyai manfaat yang baik bagi produktifitas ayam pada kondisi lingkungan tropis (Mérat, 1986; Deeb dan Cahaner 1999, Yalçin *et al.* 1997; Yunis dan Cahaner 1999; Islam, 2005; Nwachukwu *et al.* 2006; Cahaner *et al.* 2008; Mahrous *et al.* 2008; Chen *et al.* 2009; Sharifi *et al.* 2010ab; Arora *et al.* 2011, Luo *et al.* 2013; Hadad *et al.* 2014). Keragaman *breed* ayam asli di negara tropis juga dapat dijadikan sebagai dasar bagi pengembangan diversifikasi *breed* ayam yang lebih adaptif terhadap lingkungan dan kebutuhan masyarakat yang spesifik di masa mendatang dan juga sebagai sumber materi untuk penelitian (Horst, 1989). Oleh karena itu pendugaan tingkat keragaman genetik ayam Indonesia penting untuk dilakukan untuk mendukung pemanfaatan dan program pelestarian genetiknya di masa mendatang.

Tingkat keragaman genetik ayam secara luas telah dipelajari dengan menggunakan analisis DNA mitokondria (mtDNA) *displacement-loop* (D-loop) dengan panjang *segment* yang lebih pendek dari 600 bp (Fumihito *et al.* 1994; Liu *et al.* 2006ab; Guan *et al.* 2007; Sulandari *et al.* 2008; Lee *et al.* 2007; Niu *et al.* 2002; Nishibori *et al.* 2006; Guan *et al.* 2007; Lee *et al.* 2007; Gongora *et al.* 2008; Sulandari *et al.* 2008; Kanginakudru *et al.* 2008; Muchadeyi *et al.* 2008; Qu *et al.* 2009a; Adebambo *et al.* 2010; Dana *et al.* 2010; Sawai *et al.* 2010; Cuc *et al.* 2011; Storey *et al.* 2012; Langford *et al.* 2013; Pramual *et al.* 2013) dari total panjang sekuen d-loop mtDNA 1.227 bp. Daerah D-loop terdiri dari elemen yang mengontrol replikasi molekul dan sangat polimorfik. Analisis dengan menggunakan *small stretch* daerah D-loop mtDNA tidak cukup kuat untuk digunakan dalam pembentukan suatu penanda untuk mempelajari keragaman genetik, kekerabatan dan sejarah asal-usul ayam domestikasi (Storey *et al.* (2012) sehingga analisis genom mtDNA pada bagian yang lebih panjang akan memungkinkan untuk diidentifikasinya polimorfisme nukleotida tunggal (*single nucleotide polymorphisms*, SNPs) yang mungkin bermanfaat bagi segregasi *haplotype* dan *haplogroup* (Storey *et al.* 2012, Miao *et al.* 2013, Kawabe *et al.* 2014). Berdasarkan FAO (2007), mtDNA juga dapat digunakan untuk mengidentifikasi wilayah domestikasi, pewarisan secara maternal dan asal-usul geografi hewan. Oleh karena itu, penyediaan data sekuen komplit mtDNA D-loop

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

(1227 bp) ayam lokal Indonesia yang sampai saat ini belum tersedia akan bermanfaat untuk menduga tingkat keragaman, kekerabatan dan sejarah asal-usul ayam lokal Indonesia.

Pada kajian keragaman genetik dan proses domestikasi ayam, kombinasi kajian dari penanda mtDNA dan gen inti (Toro dan Cabalero 2005; Zink and Barrowclough 2008; Storey *et al.* 2012) juga perlu untuk dilakukan untuk mendapatkan hasil yang lebih akurat dan komprehensif. Di samping berdasarkan keragaman mtDNA daerah D-loop ayam, penentuan kekerabatan dan sejarah domestikasi ayam juga dapat ditentukan berdasarkan keragaman gen *Myxovirus* (Mx) *Resistance* (Li *et al.* 2006). Gen Mx merupakan salah satu gen yang mempunyai peranan dalam mengontrol kekebalan tubuh terhadap infeksi virus (Haller and Kochs 2002) dan secara luas ditemukan pada berbagai spesies (Horisberger 1988, Meier *et al.* 1990, Bazzigher *et al.* 1993, Bernasconi *et al.* 1995, Altman *et al.* 2004). Li *et al.* (2006) menjelaskan bahwa keragaman gen Mx sangat dipengaruhi oleh sejarah seleksi dan pemuliaan ayam. Keragaman gen Mx antar dan di antara *breed* ayam juga telah dilaporkan (Sironi *et al.* 2008, Ko *et al.* 2002, Li *et al.* 2006, Li *et al.* 2007, Yin *et al.* 2010). Tingginya ancaman hilangnya keragaman genetik ayam-ayam di wilayah tertentu yang disebabkan oleh tingkat kematian ayam yang tinggi akibat serangan penyakit telah dijelaskan oleh FAO (2007). Resistensi dan kerentanan terhadap penyakit viral tidak hanya dipengaruhi oleh kondisi virusnya, tetapi juga sangat dipengaruhi oleh kondisi *host* (inang), oleh karena itu struktur gen Mx *host* juga sangat penting untuk dikaji lebih lanjut untuk menemukan SNPs pada gen Mx yang mempunyai keterkaitan satu sama lain dalam fungsinya sebagai antiviral. Seyama *et al.* (2006) menemukan kemiripan sekuen nukleotida yang mengkode Asn pada posisi asam amino ke 631 (S631A) pada ayam hutan merah (AHM) dari Laos dan Indonesia. Data ini menunjukkan dukungan pada teori kontribusi AHM secara umum pada proses domestikasi ayam (Fumihito *et al.* 1994; 1996; Niu *et al.* 2002; Liu *et al.* 2006b; Nishibori *et al.* 2006; Guan *et al.* 2007; Lee *et al.* 2007; Gongora *et al.* 2008; Sulandari *et al.* 2008; Kanginakudru *et al.* 2008; Muchadeyi *et al.* 2008; Dana *et al.* 2010; Sawai *et al.* 2010; Cuc *et al.* 2011; Storey *et al.* 2012; Langford *et al.* 2013; Miao *et al.* 2013; Pramual *et al.* 2013; Kawabe *et al.* 2014). Analisis karakteristik gen Mx ayam Indonesia diharapkan dapat digunakan untuk menduga pengaruh sejarah seleksi dan pemuliaan ayam terhadap keragaman genetik dan evolusi ayam Indonesia.

Perkembangan pembentukan *breed* ayam juga sangat dipengaruhi oleh kondisi sosial budaya masyarakat setempat dan juga *trend* permintaan konsumen terhadap produk ayam (FAO 2007; Zeder 2012; Sponenberg *et al.* 2014). Oleh karena itu *breed* ayam asli dan ayam lokal Indonesia yang ada saat ini kemungkinan mempunyai karakteristik yang berbeda dengan yang telah ada sebelumnya karena perkembangan program seleksi dan pemuliaan ayam yang dilakukan oleh peternak. Berdasarkan penjelasan di atas, sebagai upaya untuk mendukung program pemerintah untuk melakukan identifikasi dan karakterisasi SDG ayam sebagai bagian dari serangkaian kegiatan eksplorasi SDG ternak (Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 48 Tahun 2011 tentang Sumber Daya Genetik Hewan dan Perbibitan Ternak), maka kajian lanjutan mengenai karakterisasi genetik dan molekuler ayam Indonesia dengan menggunakan penanda genetik mtDNA D-loop dan gen Mx masih perlu dilakukan. Hasil penelitian diharapkan dapat dijadikan sebagai salah satu dasar pertimbangan dalam penentuan *breed* ayam, pemahaman

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

proses domestikasi, upaya perbaikan mutu genetik dan penentuan kebijakan pemanfaatan ayam Indonesia secara berkelanjutan.

Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah: (a). Mengkarakterisasi dan mengidentifikasi keragaman mtDNA D-loop dan gen Mx pada ayam Indonesia, ayam hutan dan ayam introduksi, (b). membedakan struktur populasi dan diferensiasi antar populasi ayam Indonesia, ayam hutan dan ayam introduksi (c). Menduga kekerabatan dan asal-usul Indonesia.

Ruang Lingkup Penelitian

Penelitian ini dilakukan dalam 2 tahap penelitian: (1). analisis sekuen komplet daerah mtDNA D-loop ayam Indonesia dan (2). Karakterisasi dan identifikasi gen Mx ayam Indonesia. Hasil penelitian pada tahap 1 dan 2 selanjutnya akan dianalisis secara bersama-sama untuk menentukan *breed* ayam Indonesia dan asal-usulnya. Hasil analisis tersebut ditampilkan pada bab pembahasan umum.

Penelitian Tahap 1

Tujuan penelitian tahap 1 adalah: (a). Mengkarakterisasi dan mengidentifikasi keragaman genetik mtDNA d-loop ayam Indonesia yang dibandingkan dengan ayam introduksi dan ayam hutan, (b). Menghitung jarak genetik untuk membedakan struktur populasi dan diferensiasi antar populasi ayam, (c). Mempelajari level *haplotype* mtDNA antar populasi ayam untuk menduga kekerabatan dan asal-usulnya.

Luaran penelitian tahap 1 adalah:

1. Tersedianya data sekuen komplet mtDNA D-loop ayam Indonesia yang akan bermanfaat dalam memperkirakan segregasi *haplotype* dan *haplogroup*nya.
2. Tersedianya data kekerabatan ayam Indonesia yang akan bermanfaat dalam menduga diferensiasi *breed*, pemanfaatan dan pelestarian genetiknya
3. Tersedianya data derajat perbedaan di antara ayam Indonesia dan ayam dari negara lain yang bermanfaat dalam menduga *gene flow* dan asal-usul ayam Indonesia.

Penelitian Tahap 2

Tujuan penelitian pada tahap 2 adalah: (1). Mengkarakterisasi dan mengidentifikasi keragaman dan evolusi gen Mx berdasarkan sejarah seleksi dan pemuliaan ayam dan (2). Mendeteksi SNPs dan melakukan karakterisasi *haplotype* ayam untuk menduga kekerabatan dan asal-usulnya.

Luaran penelitian tahap 2:

1. Tersedianya data karakteristik gen Mx ayam Indonesia yang akan bermanfaat dalam program seleksi dan diferensiasi *breed* ayam Indonesia
2. Tersedianya data SNPs yang potensial untuk menduga diferensiasi *breed* ayam berdasarkan sejarah seleksi dan penentuan *breed* ayam

3. Tersedianya data *haplotype* gen Mx ayam Indonesia yang bermanfaat untuk menduga kekerabatan dan asal-usulnya.

Kerangka Pemikiran Penelitian

Disertasi ini terdiri dari rangkaian bab yang menyajikan data yang sudah diterbitkan dalam jurnal (*peer reviewed journal*), yaitu meliputi (1). Pendahuluan (2). Penentuan rumpun (*breed*) ayam Indonesia berdasarkan analisis sekuen komplit daerah d-loop mitokondria (mtDNA d-loop), (3). Variasi dan evolusi gen *Myxovirus (Mx) Resistance* pada ayam Indonesia berdasarkan sejarah program seleksi dan pembentukan *breed*, (4). Pembahasan umum, dan (5). Simpulan. Outline kerangka pemikiran penelitian ini ditampilkan pada Gambar 2.

Keterbaruan (*Novelty*) Penelitian

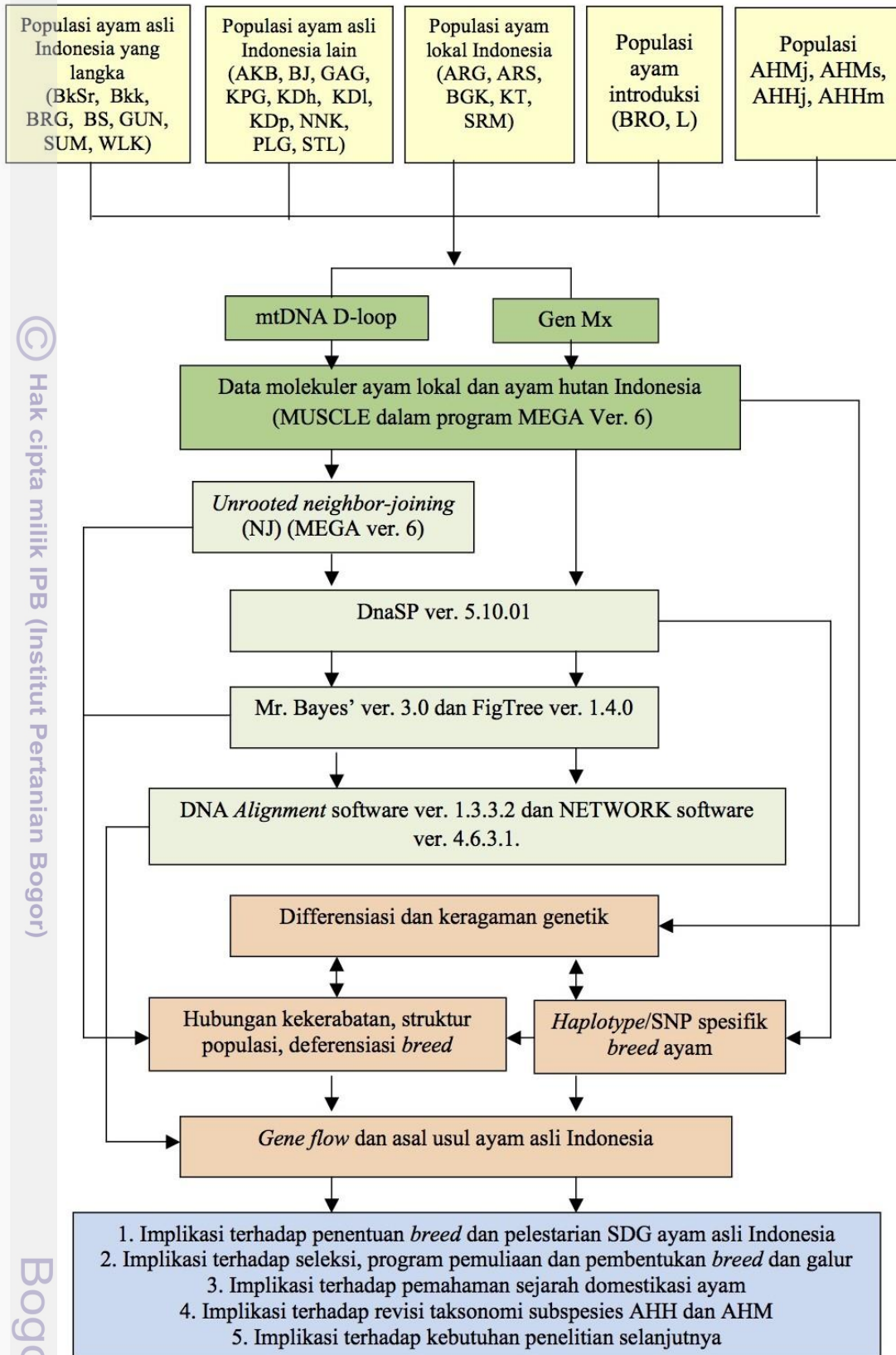
Keterbaruan (*novelty*) penelitian ini meliputi:

1. Penelitian tahap 1
 - a. Berhasil menyediakan data sekuen komplit mtDNA d-loop, *haplotype* dan *haplogroup* ayam Indonesia yang sebelumnya belum tersedia datanya.
 - b. Sebanyak 198 sekuen mtDNA d-loop ayam Indonesia dan ayam hutan telah disimpan di GenBank NCBI (No akses: KR535995-KR536177 dan KT853000-KT853016).
 - c. Mengusulkan tatanama *haplogroup* mtDNA d-loop yang baru untuk AHH dan AHM yang sebelumnya belum tersedia tatanama *haplogroupnya*.
 - d. Berhasil menyediakan data kontribusi AHH dalam proses domestikasi ayam Indonesia yang sebelumnya masih menjadi pertanyaan.
 - e. Berhasil menyediakan data terkini tentang struktur populasi dan diferensiasi *breed* dan galur ayam Indonesia.
2. Penelitian tahap 2
 - a. Berhasil menyediakan data sekuen gen Mx ayam Indonesia (promotor, dan ekson 1-14) yang sebelumnya belum tersedia datanya
 - b. Berhasil menemukan SNPs baru dan tipe mutasi pada gen Mx ayam Indonesia yang sebelumnya belum tersedia datanya.

Materi dan Metode Penelitian Secara Umum

Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Januari 2013 - Desember 2014. Preparasi sampel genom DNA dan visualisasi hasil *polymerase chain reaction* (PCR) dilakukan di Laboratorium Molekuler, Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, IPB. Uji kualitas genom DNA ayam dilakukan di Laboratorium Terpadu, Fakultas Peternakan, IPB. Amplifikasi daerah mtDNA D-loop dan gen Mx ayam dilakukan di Laboratorium Terpadu Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, IPB. Purifikasi dan sekuensing amplicon dilakukan oleh perusahaan jasa sekuensing 1st Base, Singapura (http://www.base-asia.com/dna_sequencing/).



Gambar 2 Outline kerangka pemikiran penelitian karakteristik mtDNA D-loop dan gen Mx ayam Indonesia.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Sampel Ayam dan Materi Genom DNA

Semua perlakuan dalam penelitian ini mengikuti aturan yang ditetapkan oleh *Animal Care and Use Committee* (ACUC), Institut Pertanian Bogor (IPB) (ACUC No: 17-2014IPB). Koleksi materi genom DNA ayam hutan dari habitat alami (hutan) mengikuti peraturan Pemerintah Indonesia no 5 tahun 1990 tentang konservasi sumberdaya alam hayati dan ekosistemnya, Peraturan Pemerintah RI no 7 tahun 1999 tentang pengawetan jenis tumbuhan dan satwa, peraturan internasional (*Convention on Biological Diversity*, CBD; *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora*, CITES, dan *International Union for Conservation of Nature*, IUCN) (surat no 347/KKH/SDG/KS4.2/4/2016).

Sampel darah dari pembuluh darah di bagian sayap dikoleksi dari 524 ekor ayam yang terdiri dari 6 *breed* ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, Bkk, BRG, GUN, SUM dari Sumatera, Indonesia dan Amerika Utara dan WLK) (Tabel 2, Gambar 1), 11 *breed* ayam asli Indonesia yang lain: *black java* (BJ dari USA), cemani (CMN), gaga' (GAG), kampung (KPGb, KPGb, KPGg, KPGbd, KPGs dan KPGsl), kedu hitam (KDh), kedu lurik (KDI), kedu putih (KDP), kukuak balenggek (AKB), pelung (PLg), nunukan (NNK), sentul (STL) (Tabel 2, Gambar 3) dan 7 *breed* ayam lokal Indonesia (arab *golden red* ARGt dan ARGb), arab *silver* ARS, bangkok BgK, kate KT, kapas KPS, serama SRM) (Tabel 2, Gambar 4) dan ayam introduksi (BRO dan L) dari berbagai wilayah di Indonesia. Sampel ayam sebagian besar diperoleh dari perusahaan pembibit dan peternak ayam di Indonesia yang secara komersial sudah menjual ayam yang dipeliharanya kepada konsumen di berbagai wilayah di Indonesia. Karakteristik kualitatif (tipe jengger, warna cuping telinga, bulu dan kaki) ditentukan berdasarkan Hutt (1949), Somes (1988), van Dort dan Hancox (2009) dan van Dort (2012). Variasi karakteristik kualitatif yang ditemukan pada BkSr dan BRG, GUN dan WLK, GAG, KPG, AKB, PLg masing-masing ditampilkan pada Gambar 5, 6, 7, 8, 9 dan 10. Pada *breed* KPG, digunakan 6 galur (KPG1, KPG2, KPG3, KPG4, KPG5 dan KPG6) berdasarkan sejarah pembentukannya (Tabel 2). Ayam hutan disediakan oleh penangkar dan koleksi sampel dilakukan oleh drh. Mawar Subangkit (Fakultas Kedokteran Hewan, IPB). Identifikasi karakteristik kualitatif dan suara (*acoustic*) ayam hutan dilakukan berdasarkan MacKinnon *et al.* (2002).

Sampel ayam pesuara yang digunakan dalam penelitian telah memenuhi karakteristik standar ayam pesuara untuk tujuan kontes yang ditetapkan dalam kontes tingkat nasional ayam pesuara Indonesia: kontes nasional GAG 2013 (surat keterangan No: 21/04/AKU2013) dan kontes nasional PLg 2014 (surat keterangan No: 147/A.3/LF/BEM D/IX/2014). Sampel AKB dalam penelitian ini juga telah memenuhi karakteristik standar AKB untuk tujuan kontes dan disediakan oleh Mr. Nardi Sumadi (Ketua Komunitas Pecinta Ayam Kukuak Balenggek Indonesia, Kabupaten Solok, Sumatera Barat). Untuk menghindari bias dalam analisis data, sampel ayam bekisar yang digunakan pada penelitian ini bukan berasal dari ayam bekisar yang mengikuti kontes nasional, namun berasal dari hasil perkawinan antara pejantan *G. varius* dengan betina ayam Indonesia. Hal ini disebabkan karena pada kontes ayam bekisar nasional, sistem penjurian tidak mempertimbangkan silsilah

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

ayam sehingga ayam bekikuk (hasil persilangan antara pejantan ayam bekisar dengan betina ayam domestik lain) juga berpartisipasi dalam kontes ayam bekisar.

Wawancara terhadap orang-orang penting dalam asosiasi ayam pesuara Indonesia: (1). Komunitas Keluarga Ayam Bekisar Indonesia (KEMARI), (2). Himpunan Peternak dan Penggemar Ayam Pelung Indonesia (HIPPAPI), (3). Perkumpulan Pecinta dan Penggemar Ayam Ketawa Seluruh Indonesia (P3AKSI), (4). Komunitas Pecinta Ayam Kukuak Balenggek Indonesia (KPAKBI) (masing-masing 10 orang dari KEMARI dan HIPPAPI dan 5 orang dari KPAKBI) dilakukan untuk mengetahui standar karakteristik ayam pesuara dalam kontes nasional, sejarah pembentukan *breed* ayam pesuara dan sejarah penyelenggaraan kontes ayam pesuara di Indonesia. Secara umum, kategori lomba pada kontes ayam pesuara Indonesia hanya ditentukan berdasarkan kualitas suara, bukan berdasarkan karakteristik kualitatif ayam sehingga ditemukan beberapa variasi karakteristik kualitatif ayam (Gambar 5, 7, 9 dan 10).

Ayam BS dan BJ yang berasal dari USA juga digunakan dalam penelitian ini. Materi genom DNA ayam BS dan BJ disiapkan oleh Dr. Ben Dorshorst (*Department of Animal and Poultry Sciences, Virginia Tech, Blacksburg, Virginia, USA*) dan Dr. Martin Alison (*The Livestock Conservancy, Pittsboro, North Carolina, USA*). Pengiriman materi genom DNA BS dan BJ difasilitasi oleh Prof. Tomohiro Kono, PhD. (*Department of Bioscience, Tokyo University of Agriculture, Tokyo, Jepang*).

Ekstraksi Genom DNA Ayam

Genom DNA ayam lokal Indonesia diekstraksi dari darah (*whole blood*) dan kumulus bulu dengan menggunakan kombinasi *phenol-chloroform* (Sambrook dan Russell 2000) dan DNeasy Tissue Kit (Qiagen, Valencia, CA) dan GeneAid™ DNA *Isolation Kit* (GeneAid Biotech Ltd., Taiwan).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Tabel 2 Sampel ayam yang digunakan pada penelitian ini

No	Ayam	Kode ayam	N	Karakteristik kualitatif				Tingkat seleksi	Manfaat	Lokasi
				Jengger	Cuping telinga	Warna Bulu	Warna kulit/kaki			
Ayam hutan										
1a	Ayam hutan hijau (Jawa)	AHHj	6	Tunggal, tidak bergerigi, berwarna merah dan biru	Merah	Liar	Putih (kuning)	Liar	-	Blitar (Jawa Timur)
1b	Ayam hutan hijau (Madura)	AHHm	15	Tunggal, tidak bergerigi, berwarna merah dan biru	Merah	Liar	Putih (kuning)	Liar	-	Madura
2	Ayam hutan merah (Jawa)	AHMj	6	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Liar	Hitam	Liar	-	Cipanas (Jawa Barat)
3	Ayam hutan merah (Sumatera)	AHMs	6	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Putih	Liar	Hitam	Liar	-	Medan (Sumatera utara) Solok (Sumatera Barat)
Ayam asli Indonesia yang langka										
4	Bekisar	BKSR	16	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, hitam, putih, <i>jali emas</i> (kuning)	Putih (kuning)	Tidak ada*	Pesuara, hias	Madura dan Madiun (Jawa Timur)
5	Bekikuk	Bkk	8	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, hitam, putih, <i>blorok merah (laced mottled)</i>	Hitam, putih (kuning)	Sedang ^z	Pesuara, hias	Blitar (Jawa Timur)
6	Burgo	BRG	14	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Putih	Merah, putih, wido (<i>silver</i>),	Hitam, putih (kuning)	Sedang ^z	Hias	Medan (Sumatera Utara), Ogan Komerling Ilir (Sumatera Selatan), Solok (Sumatera Barat), Bengkulu, Lampung
7	<i>Black</i> sumatera	BS	10	<i>Pea</i> , merah	Merah	Hitam	Hitam	Tinggi [£]	Hias	USA
8	Leher gundul (Legund)	GUN	22	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, lurik, hitam, putih, <i>wido (silver)</i>	Hitam, putih, kuning, hijau kekuningan	Tidak ada*	Pangan, Hias, religi	Blitar dan Tulungagung (Jawa Timur), Bogor and Sumedang (Jawa Barat), Medan (Sumatera Utara), Lampung
9	Sumatera	SUM	12	<i>Pea</i> , merah	Merah	Hitam	Hitam	Tidak ada*	Hias	Solok (Sumatera Barat), Medan (Sumatera Utara)
10	Walik	WLK	20	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Putih, <i>blorok merah (laced)</i>	Hitam, kuning,	Tidak ada*	Pangan, hias, religi	Blitar dan Tulungagung (Jawa Timur), Bogor dan Sumedang

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

© Himpunan Cipta Militer IPB (Institut Pertanian Bogor)

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan lain.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



No	Ayam	Kode ayam	N	Karakteristik kualitatif			Tingkat seleksi	Manfaat	Lokasi	
				Jengger	Cuping telinga	Warna Bulu				Warna kulit/kaki
Ayam asli Indonesia yang lain						<i>mottled, merah, wido (silver)</i>			(Jawa Barat), Medan (Sumatera Utara), Lampung	
11	<i>Black java</i>	BJ	10	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Hitam	Hitam	Hitam	Tinggi [£]	Pangan, hias	USA
12	Cemani	CMN	20	Tunggal, bergerigi, berwarna hitam	Hitam	Hitam	Hitam	Sedang ^z	Religi, hias	Temanggung (Jawa Barat)
13	Gaga'	GAG	16	Tunggal dan bergerigi	Merah, putih	Merah, putih, <i>wido (silver)</i>	Hitam, putih, kuning	Sedang ^z	Pesuara, hias	Sidrap (Sulawesi Selatan)
14a	Kampung 1	KPGj [§]	20	Tunggal dan bergerigi, <i>pea, walnut</i> , merah	Merah, putih	Merah, hitam, putih, <i>wido (silver)</i> , <i>black mottled</i>	Hitam, putih, kuning hijau kekuningan	Sedang ^z	Pangan	Tulungagung (Jawa Timur)
14b	Kampung 2	KPGg	15	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Lurik	Hitam, hijau kekuningan	Tidak ada*	Pangan	Temanggung (Jawa Tengah)
14c	Kampung 3	KPGb [§]	20	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah, putih	Merah, hitam, putih, abu-abu, lurik, <i>barred, wido (silver)</i>	Hitam, putih, kuning, hijau kekuningan	Sedang ^z	Pangan	Bogor (Jawa Barat)
14d	Kampung 4	KPGd	20	Tunggal, bergerigi, <i>pea, rose</i> , berwarna merah	Merah	Merah, hitam, putih, <i>blorok merah (laced mottled)</i> , lurik	Hitam, putih (kuning)	Tidak ada*	Pangan	Bogor dan Cianjur (Jawa Barat)
14e	Kampung 5	KPGs	20	Tunggal dan bergerigi, <i>pea, rose</i> , berwarna merah	Merah	Merah, hitam, putih, lurik	Hitam, putih (kuning)	Tidak ada*	Pangan	Medan (Sumatera Utara), Lampung
14f	Kampung 6	KPGi	10	Tunggal dan bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, <i>blorok hitam (black mottled)</i>	Hitam, putih (kuning)	Tidak ada*	Pangan	Sidrap (Sulawesi Selatan)
15	Kukak balenggek	AKB	17	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, putih, <i>laced mottled, wido (silver)</i>	Hitam, putih, kuning	Sedang ^z	Pesuara, hias	Solok (Sumatera Barat)
16	Pelung	PLg	22	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, <i>blorok merah (laced)</i>	Hitam, putih (kuning)	Sedang ^z	Pesuara, hias	Cianjur (Jawa Barat)

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Hak Cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



No	Ayam	Kode ayam	N	Karakteristik kualitatif			Tingkat seleksi	Manfaat	Lokasi	
				Jengger	Cuping telinga	Warna Bulu				Warna kulit/kaki
17	Sentul	STL	10	Tunggal, buttercup, berwarna merah	Merah	<i>mottled</i>), wido (<i>silver</i>) Abu-abu	Hitam, putih (kuning)	Sedang ^z	Pangan	Ciamis (Jawa Barat)
Ayam lokal Indonesia										
18a	Arab <i>golden red</i>	ARGt [†]	22	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah	Hitam, kuning, hijau kekuningan	Sedang	Pangan	Blitar (Jawa Timur), Bogor (Jawa Barat)
18b	Arab <i>golden red</i> Tiara	ARGb [‡]	21	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah	Hitam	Tinggi [£]	Pangan	Bogor (Jawa Barat)
19	Arab <i>silver</i>	ARS [‡]	16	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	<i>Silver</i>	Hitam	Tinggi [£]	Pangan	Bogor (Jawa Barat)
20	Bangkok	BgK [¶]	10	<i>Pea</i> , berwarna merah	Merah	Hitam, merah	Putih (kuning)	Tinggi [£]	Aduan	Tangerang dan Bogor (Jawa Barat)*
21	Kate	KT [#]	7	Tunggal, <i>rose</i> , berwarna merah	Merah	Merah, <i>silver</i> , putih	Hitam, putih (kuning)	Tinggi [£]	Hias	Jawa Timur, Jawa Barat
22	Kedu Hitam	KDh [¥]	27	Tunggal dan bergerigi, berwarna merah	Merah	Hitam	Hitam	Sedang ^z	Pangan	Temanggung (Jawa Tengah)
23	Kedu Putih	KDp [¥]	12	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Putih	Putih	Sedang ^z	Pangan	Temanggung (Jawa Tengah)
24	Kedu Lurik	KDI [¥]	14	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Lurik	Hitam, putih (kuning)	Sedang ^z	Pangan	Temanggung (Jawa Tengah)
25	Nuntikan	NNK [£]	15	Tunggal, bergerigi, berwarna merah		Merah	Kuning	Sedang ^z	Pangan	Nunukan (Kalimantan Timur)
26	Serama	SRM [¶]	8	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Merah, putih	Hitam	Tinggi [£]	Hias	Lampung (Suamtera), Jakarta dan Bogor (Jawa Barat)
Ayam ras komersial										
27	CP 707	BRO	10	Tunggal, bergerigi, berwarna merah	Merah	Putih	Putih (kuning)	Tinggi [£]	Pangan	Bogor (Jawa Barat)
28	Lohman Brown	L	10	Tunggal, bergerigi, berwarna merah		Merah	Putih (kuning)	Tinggi [£]	Pangan	Blitar dan Tulungagung (Jawa Timur)
Jumlah			524							

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

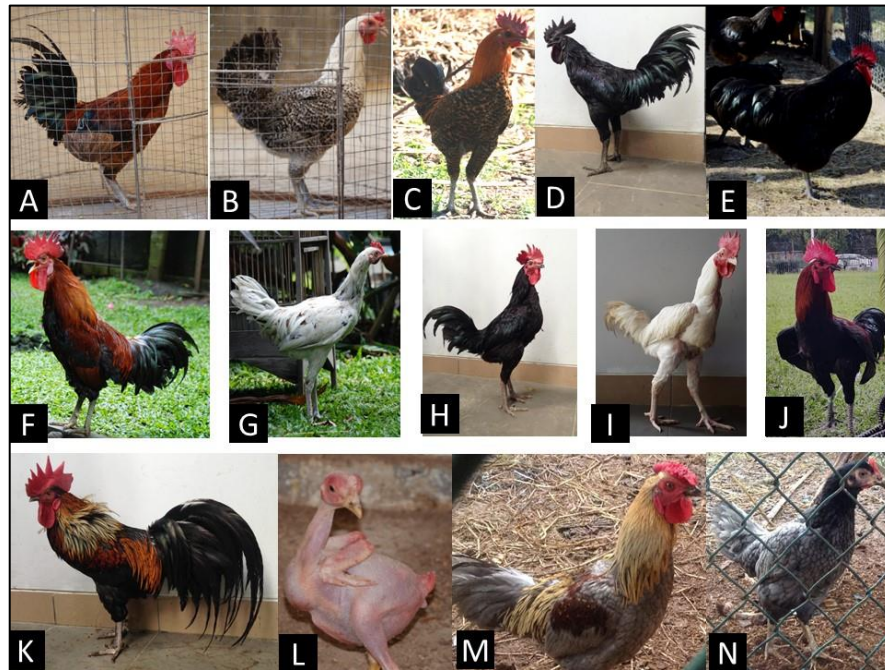


N: jumlah individu sampel yang digunakan; [†]ARGt dikembangkan oleh *breeder* lokal yang ada di Jawa Timur untuk tujuan penghasil telur. Berdasarkan sejarah seleksi dan pemuliaan yang pernah dilakukan oleh breeder ARGt, ARGt pernah disilangkan dengan ayam asli Indonesia yang lain (KPG dan KDh) dan ayam lokal Indonesia (KT) sehingga ditemukan beberapa variasi karakter kualitatif ayam; [‡]ARGb dan ARS dikembangkan *breeder* ayam di Bogor, Jawa Barat yang telah diseleksi secara intensif selama lebih dari 10 tahun untuk tujuan menghasikan telur; [¥]KDh, KDp, KDI dipelihara dalam *conservation flock*, Temanggung, Jawa Tengah; [£]NNK dipelihara dalam *conservation flock*, Nunukan, Kalimantan Timur; [¶] BgK berasal Thailand. [§]KPGt dan KPGB dikembangkan untuk tujuan penghasil daging, sebagai hasil persilangan antara KPGg dengan BgK dan juga ayam lokal yang lain sehingga mempunyai variasi karakteristik kualitatif dan kuantitatif masih tinggi; ^{||} KPGg, KPGd, KPGs dan KPGsl merupakan ayam yang dipelihara dengan sistem semi intensif (pagi sampai siang hari dilepas/diumbar dan malam harinya ayam dikandangkan); [#]KPS dan KT berasal dari Cina; ["]SRM berasal dari Malaysia. ^{*}*Unselected chicken* (UC) adalah ayam yang tidak mengalami seleksi dan program pemuliaan khusus sehingga mempunyai keragaman karakteristik kualitatif dan kuantitatif yang tinggi dan tdk mendapatkan program vaksinasi yang intensif. Secara umum, ayam yang termasuk dalam kelompok ini dimanfaatkan sebagai penghasil daging dan telur (tipe dwiguna). Ayam-ayam tersebut dipelihara dengan sistem umbaran (*scavenging*) sehingga memungkinkan perkawinan yang tidak terkontrol antar beberapa *breed* ayam yang dipelihara bersama-sama dalam satu lokasi peternakan. ^²*Moderately selected chicken* (MC) adalah ayam yang mengalami seleksi dan program pemuliaan intensif selama tidak lebih dari 4 tahun untuk tujuan tertentu, seperti penghasil daging (*meat type*), penghasil telur (*egg type*), pesuara (*crowing type*). Program perkawinan di antara beberapa *breed* ayam asli Indonesia maupun antara ayam asli Indonesia dengan ayam lokal atau ayam introduksi (ras komersial) juga dilakukan oleh peternak sehingga ayam-ayam yang termasuk dalam kelompok ini memiliki keragaman karakteristik kualitatif dan kuantitatif yang tinggi. [£]*Highly selected chicken* (HC) adalah ayam yang mengalami seleksi dan program pemuliaan yang intensif selama lebih dari 10 tahun untuk tujuan tertentu, seperti penghasil telur, daging atau ornamental sehingga ayam-ayam tersebut memiliki tingkat keseragaman (*uniformity*) karakteristik kualitatif dan kuantitatif yang tinggi.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan khusus lainnya;
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 3 Ayam asli Indonesia dan ayam lokal Indonesia yang digunakan dalam penelitian ini. A. Ayam arab *golden red* dari Jawa Barat (ARGb). B. Ayam arab *silver* (ARS). C. Ayam arab *golden red* dari Jawa Timur (ARGt) D. *Black java* (BJ) dari Amerika Utara. E. Cemani (CMN). F. Gaga' (GAG). G. Kampung (KPG). H. Kedu hitam (KDh). I. Kedu putih (KDp). J. Pelung (PLg). K. Kukuak balenggek (AKB). L. Nunukan (NNK). M Sentul debu dan N. Sentul batu (STL). Foto oleh Jeannette Beranger (E) dan Maria Ulfah (A-D, F-N)

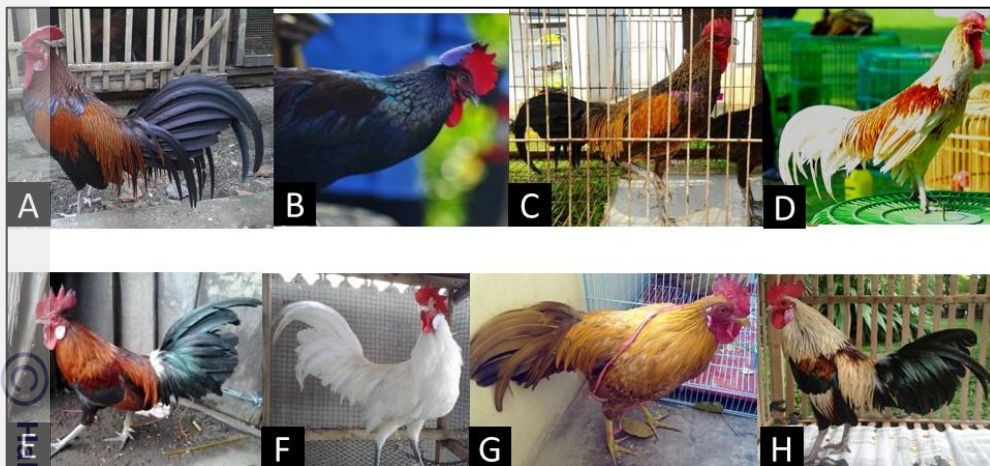


Gambar 4 Ayam hias yang digunakan dalam penelitian ini. A. BgK *silver*. B. BgK merah. C. KT *wido* (*silver*). D. KT silki. E. KT *silver*. F. *Kate dun*. G. KT putih. H. SRM merah. Foto oleh Ayu Febriyanti (B), Maria Ulfah (A, C-H)

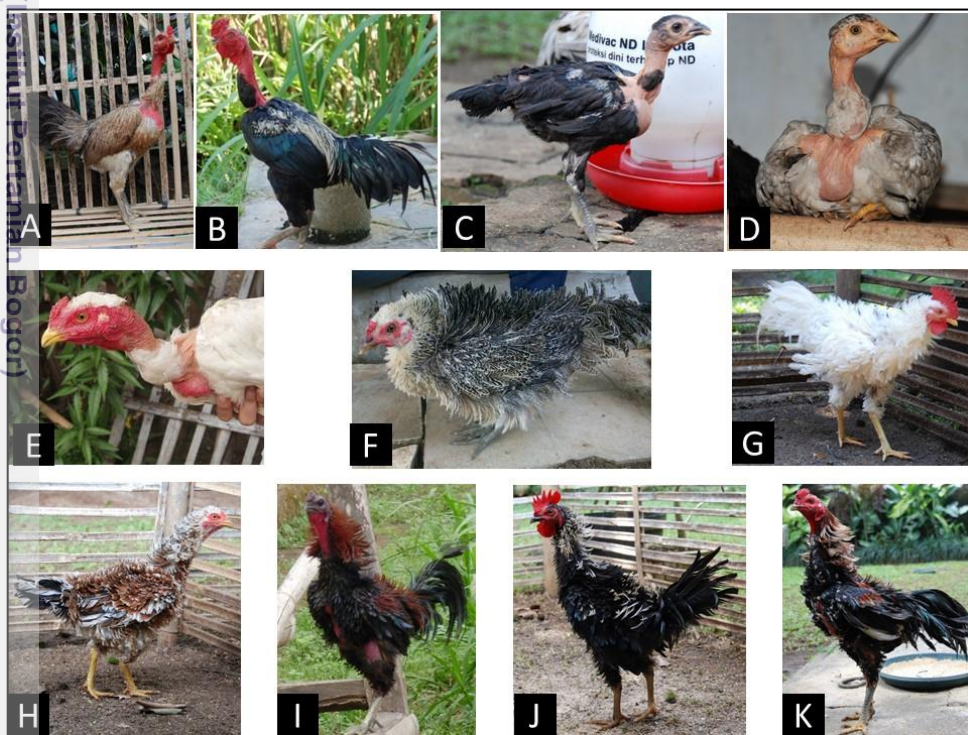
Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 5 Varian yang ditemukan pada ayam bekisar (BKSr) dan ayam burgo (BRG). A. BkSr merah. B. BkSr hitam. C. BkSr *jali emas* (kuning). D. BkSr putih. E. BRG merah. F. BRG putih. G. BRG merah. H. BRG *wido* (*silver*). Foto oleh Adhy Aryanto (A), Amin Haitami (E dan F), Arma Kartika (B-D), Maria Ulfah (H) dan Roaslien Putri (G)



Gambar 6 Varian yang ditemukan pada ayam leher gundul (GUN) dan walik (WLK). A. GUN lurik. B. GUN *wido* (*silver*). C. GUN hitam. D. GUN *dun*. E. GUN putih. F. WLK *wido* (*silver*). G. WLK putih. H. WLK *blorok* (*laced mottled*). I. WLK merah. J. WLK *wido* (*silver*). K. Walik merah

- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 7 Varian yang ditemukan pada ayam kukuak balenggek (AKB). A dan B. AKB hitam. C. AKB *silver*. D. AKB *laced mottled*. E. AKB *wido (silver)*. F. AKB putih. Foto oleh Farry Yudhi Sutami (D). Nardi Sumadi (C, E dan F) dan Maria Ulfah (A dan B)



Gambar 8 Varian yang ditemukan pada ayam kampung (KPG). A. KPGs hitam. B. KPGj merah. C. KPGd merah. D. KPGl *blorok hitam (black mottled)*. E. KPGd putih. F. KPGb merah. Foto oleh: Ayu Febriani (A), Maria Ulfah (B, C, D, E dan F)

Hak cipta ini milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

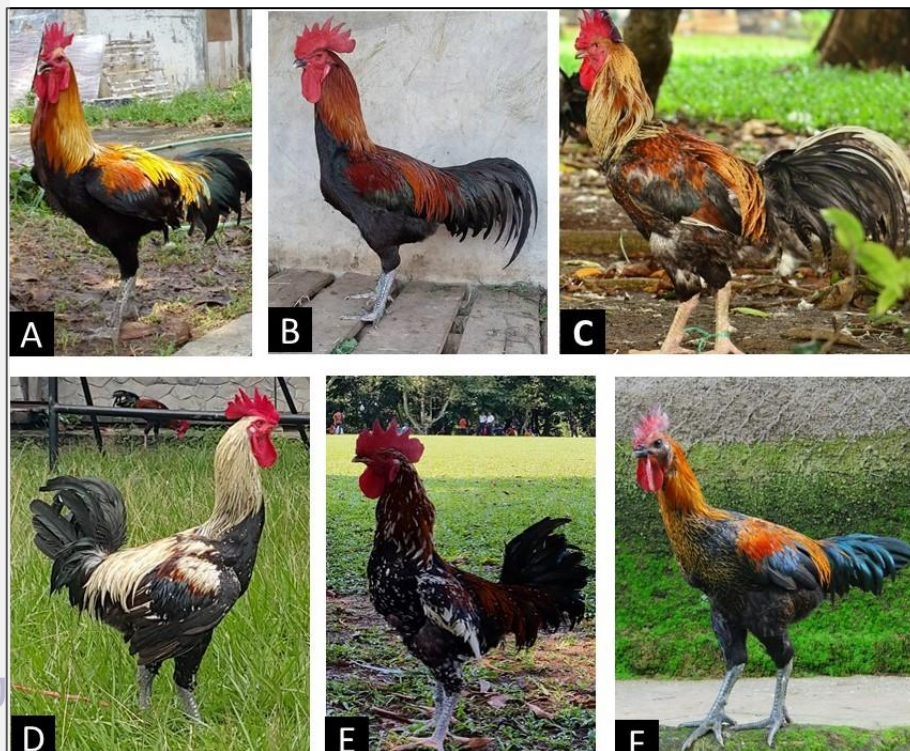
- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural



Gambar 9 Varian yang ditemukan pada ayam gaga' (GAG). A. GAG putih. B. GAG merah. C. GAG wido (silver). D dan E. GAG putih. Foto oleh Maria Ulfah (A-E)



Gambar 10 Varian yang ditemukan pada ayam pelung (PLg). A, B dan C. PLg merah. D. PLg wido (silver). E. PLg blorok merah (laced mottled). Foto oleh Brigita Laura (C), Maria Ulfah (A, D, F) dan Ridwan (B)

2 PENENTUAN RUMPUN (*BREED*) AYAM INDONESIA BERDASARKAN ANALISIS SEKUEN KOMPLIT DAERAH D-LOOP MITOKONDRIA (mtDNA D-LOOP)

PENDAHULUAN

Latar Belakang

Runutan DNA mitokondria (mtDNA) telah direkomendasikan menjadi penanda genetik yang kuat untuk memahami keragaman genetik (Tamura dan Nei 1993) untuk mengidentifikasi tetua liar, proses domestikasi dan asal-usul geografi sehingga dapat digunakan untuk merunut evolusi genetik berdasarkan garis keturunan maternal (Zink and Barrowclough 2008). Pemisahan keturunan mtDNA dalam populasi ternak dapat terjadi melalui domestikasi dari induk liar atau melalui penyatuan induk ke dalam bibit yang sudah didomestikasi (FAO 2007).

Secara umum, mutasi yang ditemukan pada mtDNA berupa SNPs yang merupakan substitusi nukleotida yang unik yang spesifik dalam populasi tertentu sehingga dapat digunakan sebagai dasar dalam penentuan keunikan individu dalam suatu kelompok. *Single nucleotide polymorphisms* (SNPs) yang ditemukan pada *segment* parsial mtDNA D-loop dengan panjang kurang dari 600 bp (HV-I) secara luas telah digunakan dalam analisis struktur populasi, hubungan kekerabatan dan sejarah domestikasi ayam (Fumihito *et al.* 1996; Niu *et al.* 2002; Nishibori *et al.* 2005; Liu *et al.* 2006b; Guan *et al.* 2007; Gongora *et al.* 2008; Kanginakudru *et al.* 2008; Muchadeyi *et al.* 2008; Sulandari *et al.* 2008; Sulandari dan Zein 2009; Dana *et al.* 2010; Sawai *et al.* 2010; Cuc *et al.* 2011; Storey *et al.* 2012; Langford *et al.* 2013; Pramual *et al.* 2013, Yacoub dan Fathi 2013). Namun demikian, perbedaan penggunaan *segment* mtDNA ternyata memberikan hasil penemuan *haplogroup* yang berbeda yang kemungkinan disebabkan adanya perbedaan variasi nukleotida. Liu *et al.* (2006b) menemukan 9 haplogroup mtDNA D-loop ayam, yaitu A-I yang selanjutnya digunakan secara umum sebagai dasar dalam penelitian struktur populasi dan sejarah domestikasi ayam (Gongora *et al.* 2008; Kanginakudru *et al.* 2008; Muchadeyi *et al.* 2008; Dana *et al.* 2010; Sawai *et al.* 2010; Cuc *et al.* 2011; Storey *et al.* 2012; Langford *et al.* 2013). Pemilihan daerah mtDNA yang lebih panjang yang dilakukan oleh Miao *et al.* (2013) menghasilkan 12 *haplogroup* (A-I and W-Y) sebagai koreksi dari *haplogroup* mtDNA ayam yang ditemukan sebelumnya oleh Liu *et al.* (2006b). Penggunaan mtDNA D-loop ayam yang lebih panjang memungkinkan ditemukannya adanya variasi nukleotida-nukleotida yang lain yang bermanfaat bagi segregasi *haplotype* dan *haplogroup* (Storey *et al.* 2012) dan Kawabe *et al.* (2014).

Berdasarkan analisis parsial mtDNA D-loop (397 bp), Sulandari *et al.* (2008) dan Sulandari dan Zein (2009) juga menemukan sebagian besar rumpun (*breed*) ayam Indonesia yang diteliti mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat. Namun demikian, penelitian tersebut tidak menyertakan ayam asli Indonesia yang langka seperti bekikuk (Bkk), burgo (BRG), leher gundul (legund, GUN), sumatera (SUM) dan walik (WLK) dan juga ayam Indonesia yang lain seperti ayam kokok-balenggek (kukuak balenggek, AKB) dan gaga' (GAG).

Ayam bekisar (BkSr) (Gambar 1 dan 4) dikategorikan sebagai ayam pesuara (*crowing chicken*) bersama dengan ayam gaga (GAG), kukuak balenggek (AKB)

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dan pelung (PLg) yang masing-masing berasal dari kabupaten Sidrap (Sulawesi Selatan), Solok (West Sumatera) dan Cianjur (Jawa Barat). Ayam bekisar (BkSr) memiliki tipe suara pendek yang menyerupai suara AHH. Ayam pelung (PLg) memiliki tipe suara lambat dan panjang (*long crowing*) yang mudah untuk dibedakan dengan ayam pesuara yang lain. Namun demikian, berdasarkan analisis parsial DNA mitokondria (mtDNA) *displacement-loop* (D-loop), (Sulandari *et al.* 2008) menemukan PLg identik dengan ayam Indonesia yang lain. Ayam kukuak balenggek (AKB) juga diperkirakan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan GAG karena memiliki kemiripan pola suara yang cepat (*rapid-crowing pattern*) (Bugiwati dan Ashari 2014). Pembentukan tipe suara yang baru untuk tujuan kontes sudah banyak dikembangkan oleh peternak ayam pesuara Indonesia untuk meningkatkan minat konsumen terhadap ayam pesuara, terutama banyak ditemukan pada GAG. Kondisi sosial dan budaya lokal telah terbukti berpengaruh terhadap keragaman fenotipe dan genetik ayam (Komiyama *et al.* 2004). Oleh karena itu, diperkirakan terdapat hubungan kekerabatan yang dekat antar ayam pesuara Indonesia. Namun data molekuler yang menjelaskan hubungan kekerabatan antar ayam pesuara Indonesia dan antar ayam pesuara dengan ayam Indonesia yang lain saat ini belum tersedia sehingga perlu dilakukan penelitian lebih lanjut.

Pada kategori ayam asli Indonesia yang langka untuk tujuan pertunjukan, SUM (Gambar 1) pada awalnya dikenal sebagai ayam petarung, namun saat ini SUM dikategorikan sebagai ayam untuk tujuan pertunjukan penampilan (ornamental) dan penghasil pangan. Pada abad ke delapan belas (18), SUM diduga dibawa ke India, Eropa dan Amerika bersama-sama dengan ayam *black java* (BJ) atau kedu hitam (KDh) (Bennet 1856; Cooper 1869; Finsterbusch 1929; Eukarius 2007; Roberts 2008) dan selanjutnya tercantum dalam *American Poultry Association Standard of Perfection* pada tahun 1883 dan diberi nama *black sumatera* (BS) pada tahun 1906 (Eukarius 2007; Roberts 2008; *The American Poultry Association* 1956, 2010). Di sisi lain, berdasarkan wilayah geografi asalnya, SUM kemungkinan mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dengan ayam asli Indonesia yang lain yang berasal dari pulau Sumatera seperti AKB, BRG, GUN dan WLK. BRG merupakan hasil perkawinan antara ayam hutan merah sumatera (AHM, *Gallus gallus spadiceus*) dengan ayam kampung. Berdasarkan karakteristik fenotipenya (Sartika dan Iskandar 2007), BRG mempunyai kemiripan dengan AKB. Mengingat AKB mempunyai karakteristik pola suara yang sama dengan GAG (Bugiwati dan Ashari 2014), diperkirakan AKB dan GAG kemungkinan juga mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dengan BRG dan SUM. Penyediaan data molekuler dari ayam lokal Indonesia akan menjelaskan hubungan kekerabatan ayam lokal Indonesia dan juga kontribusi AHH dan AHM dalam proses domestikasi ayam di dunia, termasuk Indonesia.

Di sisi lain, karena memiliki gen-gen mayor seperti Na pada GUN dan gen F pada WLK menyebabkan masing-masing ayam tersebut tidak mempunyai bulu di bagian leher dan mempunyai bulu terbalik. Menurut Roberts (2008) ayam yang tdk mempunyai bulu di leher dan ayam yang memiliki bulu terbalik di Inggris dikategorikan sebagai ayam yang memiliki karakteristik khusus. Adanya gen Na pada GUN dan F pada WLK menyebabkan GUN dan WLK mempunyai kemampuan adaptasi yang lebih baik terhadap iklim tropis dan menghasilkan produktivitas yang lebih baik dibandingkan dengan ayam berbulu normal (Yalçin *et al.* 1997; Deeb dan Cahaner 1999; Yunis dan Cahaner 1999; Nwachukwu *et al.*

2006; Mahrous *et al.* 2008). Kontribusi gen ayam introduksi terutama ayam ras komersial diperkirakan juga terjadi pada ayam GUN dan WLK (Jakaria *et al.* 2012, Ulfah *et al.* 2012) dan juga ayam Indonesia yang lain (Sulandari *et al.* 2008). Di Indonesia, GUN dan WLK belum dimanfaatkan secara optimal. Oleh karena itu penelitian ini melakukan nalisis hubungan kekerabatan antara ayam GUN, WLK dengan ayam Indonesia yang lain berdasarkan sekuen mtDNA D-loop. Hasil penelitian diharapkan dapat dimanfaatkan dalam penentuan *breed* ayam Indonesia dan perencanaan program pelestarian dan pengembangan ayam Indonesia.

Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk (1). Memperkirakan keragaman genetik, *haplotype* dan *haplogroup* ayam Indonesia, (2). Melakukan determinasi hubungan *haplotype* antara ayam asli Indonesia yang langka dengan ayam Indonesia yang lain dan ayam hutan (AHH dan AHM), dan (3). Menganalisis aliran genetik (*gene flow*) dan hubungan kekerabatan ayam asli Indonesia dengan ayam-ayam dari negara-negara lain di dunia.

Manfaat Penelitian

Hasil penelitian diharapkan dapat dimanfaatkan dalam penentuan *breed* ayam Indonesia, pemanfaatan dan pengembangannya dan perencanaan program pelestariannya. Penelitian ini juga bermanfaat bagi pemahaman kontribusi ayam hutan Indonesia dalam proses domestikasi ayam di Indonesia dan di dunia.

MATERI DAN METODE

Sampel Ayam dan Materi Genom DNA

Sampel ayam yang digunakan dalam penelitian meliputi 6 ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, Bkk, BRG, GUN, SUM dari populasi Indonesia dan Amerika Utara dan WLK), 17 ayam Indonesia yang lain: arab *golden red* ARGj dan ARGb, arab silver ARGs, bangkok BgK, *black java* (BJ dari Amerika Utara), cemani (CMN), gaga' (GAG), kampung (KPGb, KPGb, KPGg, KPGbd, KPGs dan KPGsl), kate KT, kapas KPS, kedu hitam (KDh), kedu lurik (KDI), kedu putih (KDp), kukuak balenggek (AKB), pelung (PLg), nunukan (NNK), sentul (STL), dan serama SRM), dan ayam ras komersial (BRO dan L) dari berbagai wilayah di Indonesia (Tabel 2, Gambar 1 dan 3-10).

Amplifikasi Daerah mtDNA D-loop and Sekuening

Sekuen mtDNA D-loop sepanjang 1440 base pair (bp) diamplifikasi dengan menggunakan 2 pasang primer seperti yang ditampilkan pada Tabel 3. Sekuen referensi dari mtDNA D-loop ayam NC_007237 (Nishibori *et al.* 2005) digunakan sebagai sekuen referensi pada penelitian ini. Panjang sekuen yang teramplifikasi adalah 1440 bp yang mencakup sekuen komplit mtDNA D-Loop ayam (1227 bp) seperti yang direkomendasikan oleh (Desjardins dan Morais 1990).

Tabel 3 Sekuen primer untuk amplifikasi daerah D-loop mtDNA ayam lokal Indonesia (Desjardins dan Morais 1990).

No	Forward (5' – 3')/ Reverse (5' – 3')	Panjang Sekuen (bp)
1	GGTTAGACCCCAAGGACTAC/ ATGTGCCTGACCGAGGAACCAG	630
2	CCTCACGAGAGATCAGCAAAC/ GGCACTGAAGATGCCAAGATG	854

Fragmen mtDNA D-loop diamplifikasi dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR). Amplifikasi pasangan primer 1 dilakukan dengan menggunakan komponen PCR mix yang terdiri dari *DreamTaq™ Green PCR Master Mix* (Thermo Scientific) yang terdiri dari dATP, dCTP, dGTP dan dTTP masing-masing 0,4 mM dan 4mM MgCl₂, 100-200 ng DNA genom, dan air distilata. Kondisi PCR yang digunakan meliputi pre denaturasi pada suhu 95°C (3 menit) diikuti dengan 35 siklus yang terdiri dari denaturasi pada suhu 95°C (30 detik), penempelan pada suhu 60°C (30 detik), pemanjangan pada suhu 72°C (40 detik) dan pemanjangan akhir pada suhu 72°C (5 menit).

Amplifikasi pasangan primer 2 dilakukan dengan menggunakan komponen PCR mix yang terdiri dari *High-fidelity PCR Master Mix* (Thermo Scientific Phusion Flash), 100-200 ng DNA genom dan air distilata. Kondisi PCR meliputi pre-denaturasi pada suhu 98°C (10 detik) dan kemudian dilanjutkan dengan denaturasi pada suhu 98°C selama 1 detik, penempelan dan pemanjangan pada suhu 68°C selama 20 detik yang diulang 35 siklus. Setelah itu dilakukan pemanjangan akhir pada suhu 72°C (1 menit). Visualisasi produk PCR dielektroforesis dengan menggunakan gel *polyacrilamide gel electrophoresis* (PAGE) 6% dalam TBE1x pada 200V selama 30 menit. Hasil elektroforesis diwarnai dengan metode pewarnaan perak berdasarkan Byun *et al.* (2009) yang dimodifikasi. Produk PCR selanjutnya disekuensing pada kedua arah (*forward* dan *reverse*) dengan menggunakan BigDye Terminator Kit pada ABI 3730xl DNA analyzer (*Applied Biosystems*, Foster City, CA) menggunakan pasangan primer yang sama yang digunakan untuk amplifikasi.

Analisis Data

Penelitian ini menggunakan sekuensing ganda (*forward* dan *reverse*) pada masing-masing pasangan primer sehingga diperoleh panjang sekuen mtDNA D-loop sepanjang 1227 bp. Insersi dan delesi (indels) basa nukleotida yang ditemukan pada sekuen mtDNA D-Loop ayam tidak dipertimbangkan dalam analisis data selanjutnya. Perunutan sekuen mtDNA D-Loop ayam dilakukan dengan menggunakan program MUSCLE (Edgar 2004) pada program *Molecular Evolutionary Genetic Analysis* (MEGA) versi 6 (Tamura *et al.* 2013). Keragaman *haplotype* (Hd), keragaman nukleotida (π) dan diferensiasi genetik (F_{ST}) diduga dengan menggunakan program DnaSP versi 5.10.01. (Librado dan Rozas 2009).

Penelitian ini menggunakan 3 jenis data. Data pertama meliputi 679 sekuen komplet D-loop (1227 bp) dari 524 ayam lokal Indonesia, ayam ornamental, ayam ras komersial dan ayam hutan (Tabel 1), 29 ayam dari Laos (Kawabe *et al.* 2014), 9 ayam pesuara dari Jepang (Komiya *et al.* 2004a), 20 ayam dari Korea (Cho *et al.* 2010), 18 ayam dari Bangladesh (Islam dan Nishibori 2012), 8 ayam dari Bhutan (Nidup *et al.* 2005, 10 ayam dari Afrika (Mwacahro *et al.* 2011) dan 61 sekuen D-

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

loop ayam yang merupakan *haplotype* utama dari 12 *haplogroup* (A-I dan W-Y) dari 2874 individual ayam domestik dan ayam hutan di seluruh dunia seperti yang dijelaskan oleh Miao *et al.* (2013) sebagai koreksi terhadap klasifikasi *haplogroup* sebelumnya (A-I) menurut Liu *et al.* (2006b) (Lampiran 3). Analisis *unrooted neighbor-joining* (NJ) dari semua sekuen D-loop ayam dilakukan dengan menggunakan program MEGA versi 6 (Tamura *et al.* 2013) untuk mendapatkan gambaran sederhana tentang *haplogroup* ayam asli Indonesia dan hubungannya dengan ayam lokal Indonesia dan ayam-ayam dari negara-negara lain. Seratus sembilan puluh delapan (198) sekuen mtDNA D-loop ayam Indonesia yang merupakan perwakilan dari setiap *haplogroup* disimpan pada Genbank NCBI dengan no aksesinya KR535995-KR536177 dan KT853000-KT853016 (Lampiran 3).

Data kedua mencakup 524 sekuen mtDNA D-loop (1227 bp) ayam lokal Indonesia yang langka dan ayam lokal Indonesia yang lain dan ayam hutan (AHMj, AHMs dan AHH) (Tabel 2) untuk memperkirakan hubungan genetik antara ayam langka Indonesia dengan ayam asli dan ayam lokal Indonesia lainnya dan dengan ayam hutan. Locus segregasi, keragaman *haplotype* (H) dan keragaman genetik (π) dari sekuen D-loop ayam lokal Indonesia dihitung dengan menggunakan program *DNA Sequence Polymorphism* (DnaSP) versi 5.10.01 (Librado dan Rozas 2009). Pohon filogeni untuk menduga hubungan genetik antara ayam lokal Indonesia yang langka dengan ayam lokal Indonesia lainnya dan ayam hutan dibentuk berdasarkan analisis Bayesian dengan menggunakan program Mr. Bayes versi 3.0 (Ronquist dan Huelsenbeek 2003) dengan mempertimbangkan model umum (*general time reversible model*): rates=invgamma dan nst=6). Markov Chain Monte Carlo (MCMC) dioperasikan masing-masing untuk 1 juta generasi. Pohon filogeni selanjutnya dibentuk untuk setiap 500 siklus dari *iteration chain*. Penelitian ini menggunakan standar deviasi (SD)=0.012589 yang dihitung setelah dilakukan analisis 1 juta generasi. Titik (*node*) dengan nilai probabilitas posterior $\geq 95\%$ digunakan untuk membentuk konsensus pohon filogeni 50%. Pohon filogeni selanjutnya divisualisasikan dengan program FigTree v1.4.0 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>).

Data ketiga disusun untuk menganalisis profil hubungan *haplogroup* utama yang ditemukan pada ayam asli Indonesia yang langka dan ayam asli Indonesia yang lainnya (*haplogroup* B, C, D, E dan Y) dengan menggunakan analisis *median joining network* (MJ). Data ketiga ini mencakup 616 sekuen mtDNA D-loop dari 490 ayam Indonesia dan 29 ayam dari Laos (Kawabe *et al.* 2014), 9 ayam pesuara dari Jepang (Komiya *et al.* 2004a), 20 ayam dari Korea (Cho *et al.* 2010), 18 ayam dari Bangladesh (Islam dan Nishibori 2012), 8 ayam dari Bhutan (Nidup *et al.* 2005), 10 ayam dari Afrika (Mwacharo *et al.* 2011), 32 ayam dari Saudi Arabia (Yacoub dan Fathi 2013) dan 42 ayam yang mempunyai *haplotype* utama dari 5 *haplogroup* ayam di dunia yang ditemukan pada ayam lokal Indonesia (B, C, D, E dan Y) (Miao *et al.* 2013). Analisis MJ dilakukan dengan mengikuti algoritma Bandelt *et al.* (1999) dan program NETWORK *software* versi 5.0.0.0 (<http://www.fluxus-engineering.com/sharenet.htm>). DNA *Alignment Software* versi 1.3.3.2. (www.fluxus-engineering.com/dnaalignterms11.htm) digunakan sebelum melakukan analisis MJ. Visualisasi hubungan antar *haplotype* ayam diilustrasikan dengan menggunakan program *Network Publisher* 2.0.0.1 (www.fluxus-engineering.com/nwpubterms.htm).

Analisis MJ pada penelitian ini digunakan untuk membuat hubungan berdasarkan *haplotype* utama dari 12 *haplogroup* (A-I and W-Y) yang direkomendasikan oleh Miao *et al.* (2013) sebagai koreksi dari penentuan *haplotype* sebelumnya menurut Liu *et al.* (2006b). Hubungan antar *haplogroup* juga digunakan untuk memahami aliran genetik, wilayah penyebaran, asal-usul dan memperkirakan pusat domestikasi ayam. Tatanama *haplogroup* yang digunakan oleh Miao *et al.* (2013) selanjutnya digunakan sebagai referensi pemberian nama *haplogroup* dalam penelitian ini. Sekuen komplit mtDNA D-loop (1227 bp) AHH dari Madura (AHHm702) digunakan sebagai outgroup dalam analisis MJ. Pengelompokan wilayah penyebaran ayam dilakukan berdasarkan kriteria yang ditetapkan dalam *State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*; SoW-AnGR), (FAO 2007) yang menetapkan 7 wilayah regional SOW-AnGR, yaitu Afrika, Asia (termasuk India), Eropa, Kaukasus, Amerika Latin, Karibia, Mediterania dan sekitarnya, Amerika Utara dan Baratdaya Pasifik, sehingga *breed* ayam juga dapat dikategorikan sebagai (1). *Breed* asli dan (2). *Breed* lintas batas (Tabel 4).

Tabel 4 Kategori *breed* ayam berdasarkan wilayah regional penyebaran berdasarkan *State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture* (SoW-AnGR) (FAO 2007)

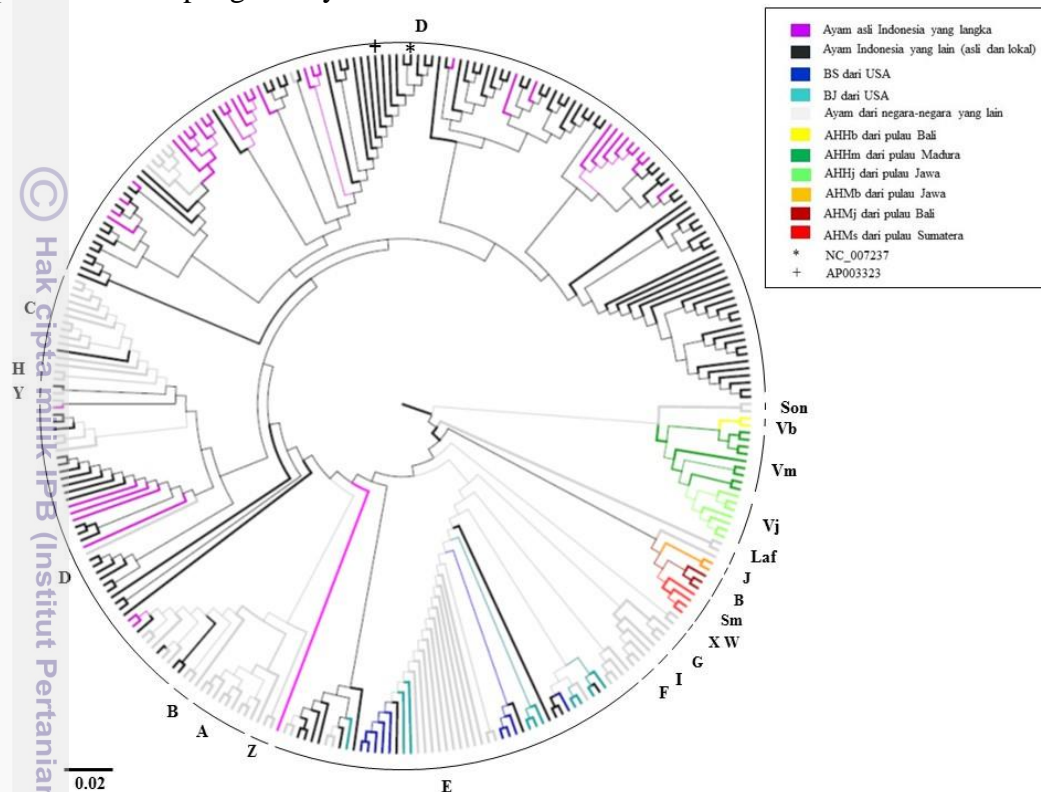
No	<i>Breed</i>	Definisi
1	<i>Breed</i> asli	<i>Breed</i> yang hanya ada di 1 negara
2	<i>Breed</i> lintas batas	<i>Breed</i> yang ada di lebih dari 1 negara
	a. <i>Breed</i> lintas regional	<i>Breed</i> lintas batas yang hanya ada di salah satu di antara 7 wilayah regional SoW-AnGR
	a. <i>Breed</i> lintas internasional	<i>Breed</i> yang ada di lebih dari 1 wilayah regional SoW-AnGR

HASIL PENELITIAN

Pengelompokan *haplotype* mtDNA D-loop ayam asli Indonesia dan ayam hutan

Analisis *unrooted* NJ menunjukkan bahwa secara umum ayam Indonesia berada pada *haplogroup* B, C, D, E dan Y (Gambar 11). Sedangkan ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, SUM, GUN dan WLK) secara eksklusif tersebar pada *haplogroup* D dan E. Di antara semua *haplogroup*, hanya *haplogroup* D yang didominasi oleh ayam asli Indonesia. Sampel ayam bangkok (BgK102) yang dikoleksi dari Indonesia (yang berasal dari Thailand) berada pada *haplogroup* A bersama dengan ayam-ayam ornamental yang berasal dari Cina, Myanmar dan Jepang dan ayam pesuara dari Jepang. Namun demikian, sebagian sampel BgK juga menyebar pada *haplogroup* B bersama dengan ayam Indonesia yang lain. *Haplogroup* B terdiri dari BkSr dan ayam-ayam yang berasal dari Cina, Bhutan, ayam petarung (bantam) dari Thailand dan juga ayam hutan merah dari Laos.

Haplogroup C dibentuk oleh *haplotype* yang sama dari ayam-ayam yang berasal dari Indonesia (PLg dan BRG), ayam hutan merah dari Bangladesh, India, Laos, Myanmar dan ayam petarung dari Cina dan Jepang. *Haplogroup E* terutama terdiri dari ayam dari Indonesia (ARGb, ARS, KPGb, KDp, PLg dan NNK), ayam ras komersial (*broiler* dan *layer* dari Eropa), BJ dan BS dari Amerika Utara, ayam pesuara dari Jepang dan ayam dari Cina dan India.



Gambar 11 *Haplogroup* mtDNA D-loop ayam Indonesia yang langka (D, E), ayam Indonesia yang lain (C, D, E, Y), ayam domestik dan ayam hutan dari negara-negara lain di dunia (A-I, W-Z) yang terbentuk berdasarkan *unrooted neighbor-joining* (NJ). *Haplogroup* ayam hutan merah dari Jawa (AHMj), Sumatera (AHMs), ayam hutan hijau dari Madura (AHHm), Jawa (AHHj) dan Bali (AHHb) masing-masing disebut dengan J, Sm, Vm, Vj dan Vb.

Mengingat tatanama *haplogroup* ayam hutan dari Indonesia masih belum ditetapkan (Fumihito *et al.* 1994, 1996; Nishibori *et al.* 2005; Liu *et al.* 2006b; Miao *et al.* 2013), 5 haplogroup yang dibentuk oleh ayam hutan Indonesia pada penelitian ini disebut dengan *haplogroup* Vm, Vj dan Vb masing-masing untuk AHHm dari pulau Madura, AHHj dari pulau Jawa dan AHHb dari pulau Bali dan *haplogroup* J dan Sm masing-masing untuk AHMj dari pulau Jawa dan AHMs dari pulau Sumatera. Secara umum, sampel AHMj dan AHMs dari Indonesia (*haplogroup* J dan Sm) secara eksklusif terpisah dari AHM yang berasal dari negara-negara lain: (1) *G. g. spadiceus* di *haplogroup* A (GU261695), B (NC_007235, GU261704), C (GU261716), F (GU261702, GU261703), G (GU261690), W (GU261706), X (GU261692), dan Y (GU261693), (2) *G. gallus* di *haplogroup* A (GU261700) dan F (GU261691), (3) *G. g. gallus* di *haplogroup* D (NC_007236), (3) *G. g. jabouillei*

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak Cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

di *haplogroup* Z (GU261674, GU261696) dan (4) *G. g. murghi* di *haplogroup* C (GU261707) dan E (GU261708).

Keragaman Genetik Ayam Langka Indonesia dan Ayam Lokal Indonesia lainnya

Empat ratus delapan puluh satu (481) sekuen D-loop (1227 bp) ayam Indonesia dan ayam ras komersial digunakan dalam penelitian ini. Insersi dan delesi basa nukleotida tidak digunakan dalam analisis pada penelitian ini. Sebanyak 266 situs polimorfik dan 201 *haplotype* teridentifikasi dalam penelitian ini.

Kisaran keragaman *haplotype* (*h*) ayam Indonesia adalah 0,00090 (Bkk) sampai dengan 0,99048 (KPGg), dimana ayam asli Indonesia yang langka mempunyai kisaran *h* sebesar 0,50000 (Bkk) sampai dengan 0,96970 (GUN) (Tabel 5). Ayam walik (WLK) memiliki keragaman nukleotida tertinggi (π : 0,01806) jika dibandingkan dengan ayam asli Indonesia yang langka yang lainnya: BkSr (0,00875), Bkk (0,00090), BRG (0,00495), GUN (0,00415), BS (0,00779) dan SUM (0,00669). Di antara ayam pesuara Indonesia (AKB, BkSr, GAG dan PLg), BkSr memiliki nilai π yang lebih rendah (0,00875) jika dibandingkan dengan GAG (π : 0,01473) namun lebih tinggi jika dibandingkan dengan PLg (π : 0,00475) dan AKB (0,00553).

Hubungan Kekerabatan Antar *Breed* Ayam Indonesia

Kecepatan substitusi nukleotida pada sekuen mtDNA d-loop ayam ditampilkan pada Tabel 7. Pohon filogeni yang terbentuk berdasarkan analisis Bayesian (Gambar 12) dari *haplogroup* utama ayam Indonesia dan ayam hutan (B, C, D, E, Jv, Sm, Vm and Vj) ditampilkan pada Gambar 12. Rataan dan standar deviasi (SD) keragaman genetik ayam berdasarkan perkiraan Markov Chain Monte Carlo (MCMC) ditampilkan pada Tabel 6. Gambar 12 menjelaskan bahwa ayam Indonesia terbagi menjadi 5 kelompok: III (BkSr, KPG dan PLg), IV (BRG dan ayam Indonesia yang lain), V (AKB dan ayam Indonesia), VI (WLK dan ayam Indonesia yang lain) dan VII (BkSr, ayam Indonesia dan ayam ras komersial), dimana ayam asli Indonesia yang langka berada pada kelompok III (BkSr), IV (BRG dan GUN), VI (WLK) dan VII (BkSr, Bkk).

Ayam hutan hijau AHH (kelompok I) dan AHM (kelompok II) diduga merupakan nenek moyang ayam Indonesia. Ayam hutan hijau dari Jawa (AHHj) terpisah 98% dari AHH dari Madura (AHHm), dan ayam hutan merah dari Jawa (AHMj) terpisah 100% dari AHM dari Sumatera (AHMs). Hubungan *monophyletic* dari referensi AHMj *G. g. bankiva* NC_007237 dengan ayam Indonesia juga ditemukan pada penelitian ini (kelompok IV) dimana kelompok ini merupakan kelompok *sister* dari kelompok II (BkSr dan PLg). Lebih lanjut, BkSr juga membentuk kelompok yang sama dengan BgK, Bkk, BS, KPGj, KPGb, NNK dan ayam ras komersial (broiler, WL dari Eropa dan Mediterania, dan *rhode island red* dari Amerika Utara) pada kelompok VII yang menjadi kelompok *sister* WLK, ARGb, CMN dan KDp. Sedangkan AHMj (Jv) adalah kelompok *sister* dari AHH.

Tabel 5 Sampel ayam, keragaman *haplotype* dan nukleotida mtDNA D-loop ayam pada penelitian ini

No	Spesies/sub spesies/breed ayam	Kode Sampel	N	S	H	<i>h</i>	π
1	Bekisar	BKSR	16	28	13	0,96667	0,00875
2	Bekikuk	Bkk	8	2	2	0,50000	0,00090
3	Burgo	BRG	14	23	10	0,94505	0,00495
4	<i>Black sumatera</i>	BS	10	18	8	0,95556	0,00415
5	Leher gundul	GUN	12	33	10	0,96970	0,00779
6	Sumatera	SUM	12	20	8	0,93939	0,00669
7	Walik	WLK	20	58	18	0,94762	0,01806
8	Arab <i>golden red</i> jawa timur	ARGt	22	20	10	0,93506	0,00547
9	Arab <i>golden red</i> bogor	ARGb	21	17	11	0,87619	0,00346
10	Arab <i>silver</i>	ARS	16	2	3	0,62500	0,00061
11	Bangkok	BgK	10	18	7	0,93333	0,00605
12	<i>Black java</i>	BJ	10	9	8	0,95556	0,00216
13	Cemani	CMN	20	13	10	0,83684	0,00251
14	Gaga'	GAG	16	68	10	0,90000	0,01473
15	Kampung 1	KPGj	20	24	8	0,93333	0,00618
16	Kampung 2	KPGg	15	15	14	0,99048	0,00275
17	Kampung 3	KPGb	20	27	11	0,97436	0,00730
18	Kampung 4	KPGd	20	31	12	0,93464	0,00682
19	Kampung 5	KPGs	20	36	5	0,78788	0,00966
20	Kampung 6	KPGl	10	2	2	0,50000	0,00850
21	Kedu Hitam	KDh	29	28	18	0,95813	0,00395
22	Kedu Putih	KDp	12	17	10	0,98182	0,00390
23	Kedu Lurik	KDl	14	15	10	0,94505	0,00270
24	Kukuak balenggek	AKB	17	31	12	0,95588	0,00553
25	Nunukan	NNK	15	6	6	0,89286	0,00214
26	Pelung	PLg	22	36	15	0,95671	0,00475
27	Sentul	STL	10	6	3	0,83333	0,00296
28	Bangkok	BgK	10	18	7	0,93333	0,00605
29	Kate	KT	7	34	5	0,85714	0,01465
30	Serama	SR	8	2	2	0,50000	0,00085
31	CP 707	BRO	10	2	2	0,60000	0,00101
32	Lohman Brown	L	10	1	1	0,00000	0,00000
	Jumlah		481		201	0,81276	0,00510

N: jumlah sekuen yang digunakan. S: jumlah lokus yang bersegregasi. H: jumlah *haplotype*. Hd: keragaman *haplotype*. π : keragaman nukleotida. Diferensiasi genetik diduga berdasarkan Hudson (2000), Snn (*nearest neighbor statistic*): 0.39062 PM *test*; P-value dari Snn: 0.0000 *** (mengindikasikan diferensiasi genetik yang berbeda nyata). Aliran genetik dihitung berdasarkan Hudson *et. al.* (1992). Fst: 0.8796. Nm: 5.18 (mengindikasikan tingginya pertukaran genetik di antara populasi ayam).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

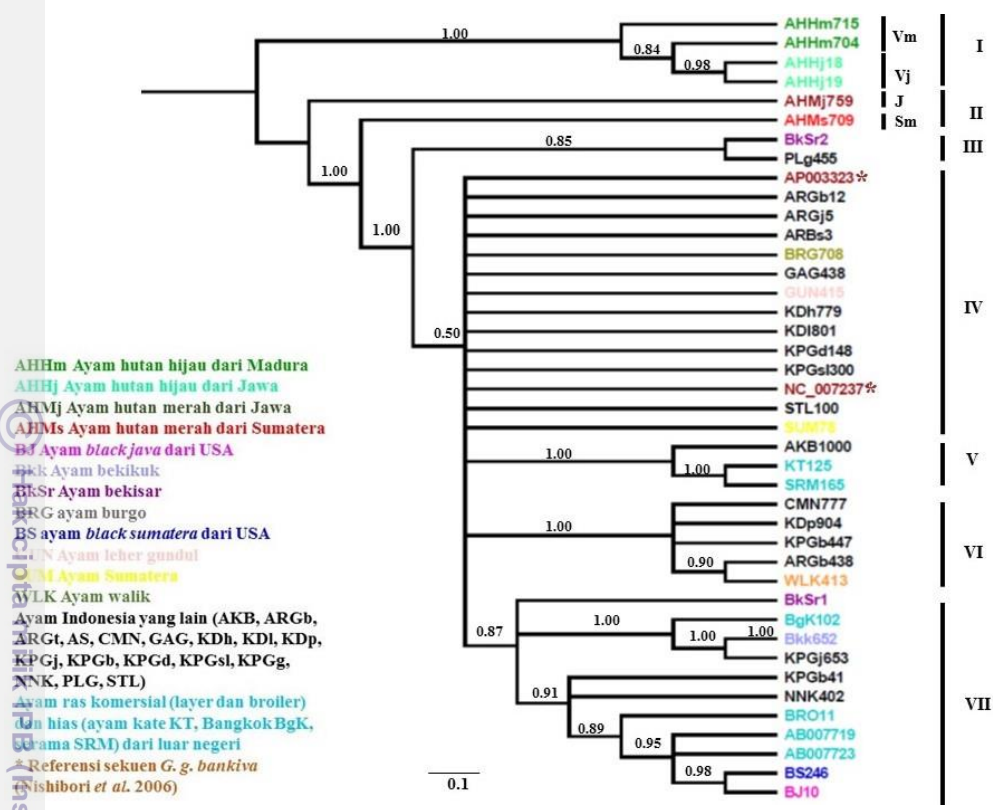
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 12 Pohon filogeni dari sekuen mtDNA D-loop ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, SUM, WLK dan GUN), ayam asli Indonesia yang lain, ayam lokal Indonesia dan ayam hutan berdasarkan analisis Bayesian (Ronquist and Huelsenbeek 2003). Ayam Indonesia terbagi menjadi 5 kelompok: kelompok III (BkSr), IV (BRG dan ayam Indonesia yang lain), V (AKB dan ayam lokal), VI (WLK dan ayam asli Indonesia yang lain) dan VII (BkSr, ayam lokal dan ayam ras komersial). Ayam hutan hijau (AHH) pada kelompok I dan ayam hutan merah (AHM) pada kelompok II diduga sebagai nenek moyang ayam lokal Indonesia.

Profil Hubungan Haplogroup Utama Ayam Asli Indonesia yang Langka, Ayam Asli Indonesia yang lain dan Ayam Lokal Indonesia dengan Ayam dari Negara-negara lain di Dunia

Untuk memahami hubungan kekerabatan antar ayam dalam *breed* yang sama dan di antara *breed* ayam (*within* dan *between chicken breed*), profil hubungan *haplogroup* utama yang ditemukan pada ayam Indonesia (B, C, D, E dan Y) dibentuk berdasarkan analisis hubungan MJ (Gambar 13). Empat (4) akar penghubung (*root*) aliran genetik yang potensial (r1, r2, r3 dan r4) teridentifikasi pada penelitian ini yang diduga menghubungkan ayam Indonesia dengan ayam-ayam lain di dunia. *Root* r1 menjelaskan hubungan genetik ayam Indonesia pada *haplogroup* D dengan ayam-ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Myanmar dan Thailand yang berada pada *haplogroup* C (Gambar 13).

Tabel 6 Kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen mtDNA D-loop ayam berdasarkan perkiraan Marcov Chain Monte Carlo (MCMC)

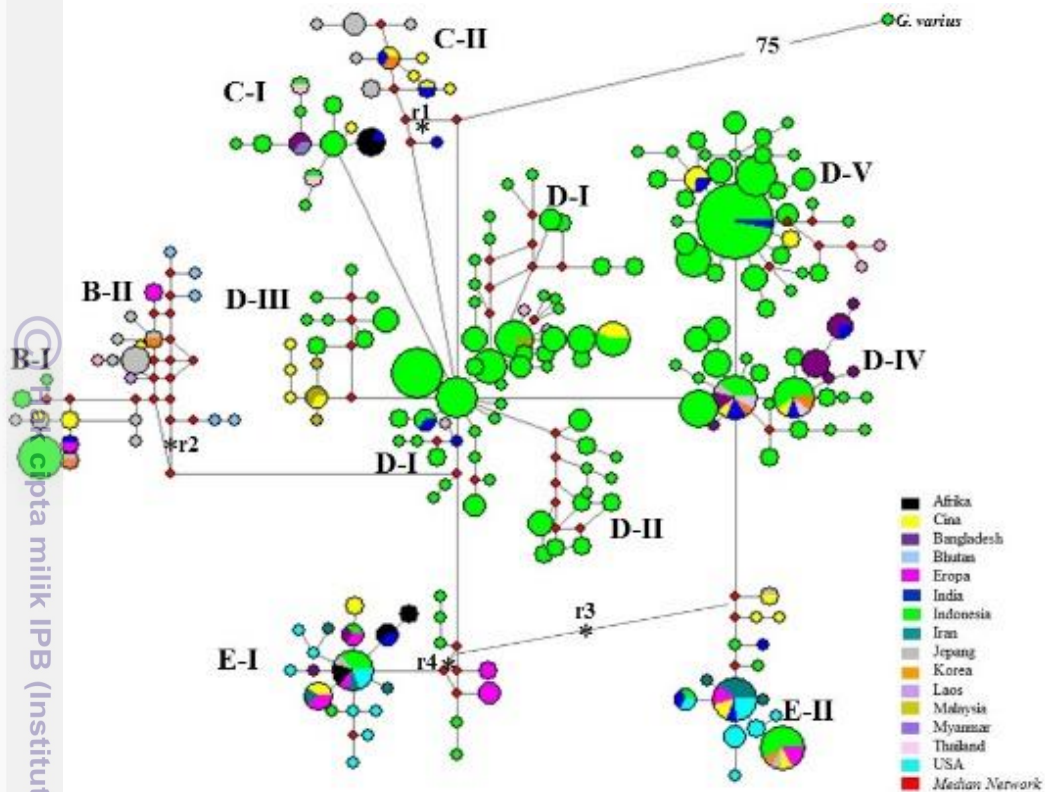
Parameter	Mean	Variance	95% HPD Interval		Median	minESS	avgESS	PSRF
			Lower	Upper				
TL	3.556725e+001	4.383638e+000	3.175304e+001	4.008679e+001	3.553480e+001	6.291847e+002	6.978691e+002	1.005596e+000
r(A<->C)	1.661936e-001	2.272676e-004	1.382421e-001	1.967527e-001	1.660547e-001	1.890757e+002	2.607868e+002	1.003027e+000
r(A<->G)	2.066281e-001	4.439661e-004	1.638179e-001	2.464306e-001	2.061565e-001	2.050707e+002	3.190630e+002	9.996695e-001
r(A<->T)	1.352037e-001	1.690676e-004	1.118620e-001	1.618804e-001	1.343493e-001	4.882921e+002	5.416112e+002	1.000645e+000
r(C<->G)	9.796419e-002	2.147912e-004	6.967958e-002	1.247499e-001	9.775646e-002	5.403490e+002	5.530318e+002	1.000818e+000
r(C<->T)	2.177451e-001	2.860961e-004	1.865688e-001	2.521280e-001	2.174820e-001	4.517197e+002	4.650529e+002	1.000353e+000
r(G<->T)	1.762653e-001	3.478430e-004	1.437859e-001	2.150926e-001	1.759385e-001	4.453161e+002	4.906849e+002	1.005566e+000
pi(A)	2.673217e-001	1.536664e-004	2.430238e-001	2.909495e-001	2.671359e-001	5.551576e+002	6.093920e+002	9.997595e-001
pi(C)	3.051746e-001	1.673621e-004	2.808607e-001	3.308733e-001	3.050735e-001	4.910614e+002	5.198703e+002	1.010307e+000
pi(G)	1.335648e-001	9.284832e-005	1.149434e-001	1.524997e-001	1.331697e-001	5.236965e+002	5.280804e+002	1.002746e+000
pi(T)	2.939389e-001	1.682968e-004	2.691220e-001	3.193749e-001	2.936779e-001	4.800163e+002	5.476456e+002	1.002428e+000
alpha	2.588588e-001	7.107218e-005	2.419941e-001	2.750854e-001	2.583200e-001	4.758412e+002	5.229267e+002	1.000180e+000
pinvar	3.186810e-003	9.494346e-006	1.915411e-007	9.304810e-003	2.212814e-003	1.051601e+003	1.143321e+003	1.003675e+000

TL: total panjang pohon. r: kecepatan substitusi nukleotida yang *reversible*. π : frekuensi nukleotida. Alpha: distribusi gamma dari variasi lokus. Pinvar: proporsi lokus monomorfik. PSRF: *Potential Scale Reduction Factor*, nilai yang akurat adalah mendekati 1.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan lain.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 13 Profil *Median Joining* (MJ) *Network* dari *haplotype* mtDNA D-loop yang teridentifikasi pada ayam asli dan ayam lokal Indonesia. Tatanama *haplotype* mengikuti *haplotype* utama yang dijelaskan oleh Miao *et al.* (2013). Ukuran lingkaran mengidentifikasi frekuensi dari *haplotype*. Tanda * menunjukkan akar penghubung (*root*) aliran genetik. Ayam hutan hijau (AHH702) digunakan sebagai *outgroup* dalam analisis MJ *network*

Rute utama aliran genetik yang dibentuk oleh *root* r2 diperkirakan juga menghubungkan ayam Indonesia pada *haplogroup* D dengan ayam dari Bhutan, Cina, Eropa, India, Jepang, Korea dan Thailand pada *haplogroup* B. *Haplogroup* B juga terdiri dari ayam asli Indonesia yaitu BkSr, KPGd, KPGt dan WLK. Namun demikian, ayam-ayam tersebut berbeda 6 langkah (*step*) dari ayam Indonesia yang berada di *haplogroup* D-1. *Root* r3 dan r4 diduga menghubungkan ayam Indonesia pada *haplogroup* D dengan ayam-ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, Eropa, India, Iran, Jepang, Korea dan USA di *haplogroup* E (Gambar 13). Pada *haplogroup* E, NNK dan ARGb diduga merupakan hasil percampuran antar *breed-breed* ayam di dunia.

Berdasarkan kategori penyebaran ayam di wilayah regional SOW-AnGR, penelitian ini menemukan 5 wilayah regional SoW-AnGR yaitu Afrika, Asia (Bangladesh, Cina, India, Indonesia, Jepang, Korea, Malaysia, Myanmar, Laos, Thailand), Eropa, Mediterania dan sekitarnya (Iran) dan Amerika Utara (Gambar 13). Ayam lokal Indonesia juga dapat dikategorikan sebagai *breed* asli, *breed* lintas regional dan *breed* lintas internasional (Tabel 7).

Tabel 7 Kategori *breed* ayam Indonesia berdasarkan pada wilayah regional penyebarannya (*State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*, SoW-AnGR (FAO 2007))

No	Hap	Ayam Indonesia	Asal Sampel	Negara lain yang memiliki Ayam dengan <i>Haplogroup</i> yang sama	Kategori <i>breed</i>
1	B-I	BkSr, KPGd, KPGt, KT, WLK	Indonesia	Bhutan, Cina, Eropa, India, Jepang dan Korea	Lintas internasional
3	C-I	AKB, SUM, PLg	Indonesia	Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Myanmar, Thailand	Lintas internasional
5	D-I	ARGb, ARS, AKB, CMN, KDh, KDI, KT, PLg, WLK, GUN	Indonesia	Cina, India, Indonesia, Thailand	Lintas regional
6	D-II	BRG, KDI, KPGd, KPGt, SUM	Indonesia	Indonesia	Indonesia
7	D-III	AKB, KT, WLK, SRM	Indonesia	Cina, Indonesia, Malaysia	Lintas regional
8	D-IV	AKB, BRG, GAG, GUN, KDh, KDI, KPGt, KT, PLg, SUM, STL	Indonesia	Bangladesh, Cina, India, Indonesia, Jepang, Korea, Laos	Lintas regional
9	D-V	ARGb, ARS, BgK, BkSr, Bkk, CMN, GUN, KDh, KDI, KPGd, KPGt, KPGb, KT, PLg, WLK	Indonesia	Cina, India, Indonesia, Thailand	Lintas regional
10	EI	NNK, ARGb	Indonesia	Afrika, Bangladesh, Cina, Eropa, India, Indonesia, Mediterania, Jepang, USA	Lintas internasional
11	EII	PLg, NNK	Indonesia	Cina, Eropa, India, Indonesia, Mediterania, Jepang, Korea, USA	Lintas internasional

PEMBAHASAN

Distribusi *Haplotype* Sekuen mtDNA D-loop Ayam Asli Indonesia

Hasil penelitian ini memberikan pemahaman yang lebih detail tentang keragaman genetik, hubungan kekerabatan, penentuan *breed* dan sejarah domestikasi ayam asli Indonesia yang langka dan ayam Indonesia yang lain berdasarkan garis keturunan maternal (*matrilineal lineage*) yang selama ini masih terbatas ketersediaan datanya. Dari 12 referensi *haplogroup* mtDNA ayam (A-I, Liu *et al* 2006b; Miao *et al.* 2013) dan (W-Y, Miao *et al.* 2013), 2 *haplogroup* (D, E) diantaranya teridentifikasi pada ayam asli Indonesia yang langka (Gambar 11), dan 4 *haplogroup* (B, D, E dan Y) pada ayam Indonesia yang lain. Penelitian ini tidak menemukan sebaran *haplotype* ayam Indonesia pada haplogroup A, F, G, W

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dan X (Gambar 11). Liu *et al.* (2006b) dan Miao *et al.* (2013) juga menemukan *haplogroup* A terutama tersebar secara luas di Cina Selatan dan Jepang. Ayam-ayam yang berasal dari Asia Timur, Asia Tenggara dan Asia Selatan juga mengelompok pada *haplogroup* C, F dan G. Sedangkan *haplogroup* E didominasi oleh ayam-ayam yang berasal dari Eropa, Mediterania dan India (Liu *et al.* 2006b; Miao *et al.* 2013; Langford *et al.* 2013; Lymio *et al.* 2015), Asia (Lymio *et al.* 2015), Cina, Jepang, Amerika Selatan (Gongora *et al.* 2008) dan Amerika Latin (Dancause *et al.* 2011).

Ayam bekisar (BkSr) sebagian besar mempunyai *haplotype* mtDNA D-loop yang mengelompok pada *haplogroup* D-V bersama dengan ayam lokal Indonesia yang lain. *Haplogroup* B juga terdiri dari BkSr yang dihasilkan dari perkawinan AHH jantan dengan BgK bersama dengan ayam-ayam yang berasal dari Cina, India dan sekitarnya, Thailand dan Laos. Pada *haplogroup* D (Gambar 13), ayam-ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, India, Laos, Malaysia, Myanmar dan Thailand juga diperkirakan mempunyai kontribusi pada keragaman ayam lokal Indonesia. Liu *et al.* (2006b) dan Miao *et al.* (2013) juga menemukan *haplogroup* D yang didominasi oleh ayam-ayam dari Afrika, Asia Selatan, Asia Tenggara dan Asia Timur.

Pada penelitian ini juga ditemukan *haplogroup* Y tersarang pada *haplogroup* C (Gambar 11). Oka *et al.* (2007), Liu *et al.* (2006b) juga menemukan *haplogroup* C yang tersarang pada *haplogroup* D dan Y. Penelitian-penelitian sebelumnya (Gongora *et al.* 2008; Oka *et al.* 2007) juga menemukan *haplogroup* D sebagai *haplogroup* C yang terdiri dari ayam-ayam yang berasal dari Jepang, Cina bagian tenggara, India, Madagaskar, Indonesia, Filipina, Vietnam, Thailand dan Myanmar. Perbedaan metode yang digunakan dalam analisis data diperkirakan menghasilkan perbedaan distribusi *haplotype* mtDNA ayam. Penambahan sekuen-sekuen D-loop ayam asli Indonesia yang baru pada penelitian ini bersama-sama dengan data referensi sekuen D-loop ayam yang tersedia di GenBank diperkirakan juga menghasilkan hasil analisis data yang lebih lengkap. Meskipun Oka *et al.* (2007) menyatakan bahwa *haplogroup* C terutama terdiri dari ayam tipe petarung dan ayam bantam yang sampelnya berasal dari Indonesia, namun demikian, ayam tipe petarung (BgK) yang dikoleksi dalam penelitian ini (yang diimport dari Thailand) tidak terdistribusi pada *haplogroup* C. Ayam bangkok (BgK) tersebut berada pada *haplogroup* A (bersama-sama dengan ayam-ayam dari Cina dan juga ayam pesuara dari Jepang) dan *haplogroup* D bersama-sama dengan ayam Indonesia yang berasal dari pulau Sumatera (SUM, BRG dan AKB). Pertunjukan pertarungan ayam (*cockfighting*) yang diselenggarakan oleh manusia dengan menggunakan ayam petarung (juga disebut sebagai *game fowl*) diduga sudah ada sejak sekitar 600 tahun sebelum Masehi terutama di India, Asia (termasuk Jawa dan Sumatera), Inggris, Itali, Persia dan Amerika Selatan dan selanjutnya menyebar ke ke negara-negara lainnya (Cooper 1869).

Nataamijaya (2000) dan (Sartika dan Iskandar 2007) menyatakan bahwa ayam-ayam dari pulau Sumatera pada awalnya dimanfaatkan sebagai ayam petarung. Namun saat ini, ayam-ayam tersebut dimanfaatkan sebagai penghasil telur (Nataamijaya 2000) dan ayam hias (ornamental) (Sartika dan Iskandar 2007). *Haplogroup* D3 yang dibentuk oleh ayam-ayam yang berasal dari pulau Sumatera dan India Selatan diperkirakan juga sebagai contoh adanya aliran gen dari ayam petarung. Berdasarkan data di atas, oleh karena itu, penelitian ini mendukung

Komiyama *et al.* (2003, 2004ab), Al-Nasser *et al.* (2007), FAO (2007), Zeder (2012) dan Sponenberg *et al.* (2014) yang menyatakan bahwa program seleksi ayam dan kondisi sosial budaya manusia dapat mempengaruhi proses domestikasi ayam dan pembentukan *breed* ayam.

Dengan melakukan karakterisasi mtDNA D-loop dan gen Mx, penelitian ini membuktikan bahwa AHH dari pulau Madura (AHHm) berbeda dengan AHH dari pulau Jawa (AHHj) serta AHM dari Sumatera berbeda dengan AHM dari pulau Jawa. Penelitian ini berhasil mengidentifikasi tiga (3) *haplogroup* dari sekuen D-loop AHH, yaitu Vb, Vj dan Vm masing-masing untuk AHH dari Bali, Jawa dan Madura (Gambar 11) yang terpisah dari ayam hutan abu-abu (*grey junglefowl*, *G. sonneratii*) dari India dan ayam hutan jingga (*ceylon junglefowl*, *G. lafayetii*) dari Si Lanka. Batasan geografi (*geographical barrier*) dan hanyutan genetik (*genetic drift*) diduga menjadi penyebab terjadinya spesiasi AHHm, AHHj, AHMb, AHMj dan AHMs. Namun demikian, penelitian lebih lanjut yang lebih komprehensif diperlukan untuk melakukan validasi klasifikasi taksonomi AHH.

Berdasarkan klasifikasi taksonomi subspecies AHM yang ada saat ini, secara umum terdapat 5 subspecies AHM, yaitu (1). AHM Cochinchina atau AHM Indocina, (*G. g. gallus*), (2). AHM Jawa (*G. G. bankiva*), (3). AHM Tonkin (*G. g. jabouillei*), (4). AHM India (*G. g. murghi*), (5). AHM Burma (*G. g. spadiceus*) (Crawford 1990; Moiseyeva *et al.* 2003). Klasifikasi subspecies AHM pada awalnya didasarkan pada karakteristik morfologi dan geografi. Secara morfologi, setiap subspecies AHM mempunyai karakteristik penciri masing-masing terutama pada ukuran cuping telinga dan jengger, warna cuping telinga dan panjang dan warna bulu leher pada jantan. Pada penelitian ini, AHMj mempunyai cuping telinga merah sedangkan AHMs mempunyai cuping telinga putih (Gambar 1). Berdasarkan analisis molekuler, nama *haplogroup* yang secara umum diberikan untuk (1). *G. g. spadiceus* adalah A, B, C, F, G, W, X dan Y, (2). *G. gallus* A dan F, (3). *G. g. gallus* adalah D, (4). *G. g. jabouillei* adalah Z dan (5). *G. g. murghi* adalah C and E, (6). AHMj dan AHMs adalah *unclassified* (Miao *et al.* 2013). Mengingat belum terdapat penentuan nama *haplogroup* untuk AHMj dan AHMs, maka AHMj dan AHMs pada penelitian ini masing-masing diberi nama *haplogroup* J dan Sm. Penelitian ini mendukung pendapat Liu *et al.* (2006b) yang menyarankan adanya 2 *haplogroup* utama AHM, yaitu (1). *Haplogroup* kontinen (*continental haplogroup*) yang terdiri dari sub spesies AHM *G. g. spadiceus*, *G. gallus*, *G. g. gallus*, *G. g. jabouillei* and *G. g. murghi* dan ayam-ayam domestik dari negara-negara Asia, and (2). *Haplogroup* pulau (*island haplogroup*) khusus untuk AHMj dari pulau Jawa (*G. g. bankiva*). Mengingat penemuan ini berbeda dengan klasifikasi taksonomi subspecies AHM yang ada saat ini, oleh karena itu, penelitian ini menyarankan adanya penelitian lebih lanjut untuk melakukan validasi penentuan taksonomi subspecies AHM, seperti juga yang disarankan oleh Liu *et al.* (2006b).

Hasil penelitian ini juga menunjukkan bahwa referensi sekuen AHM dari pulau Jawa *G. g. bankiva* (NC_007237, AP003323) (Nishibori *et al.* 2005) berada pada *haplogroup* D bersama dengan BkSr (hasil perkawinan AHH dengan ayam lokal Indonesia), BRG (hasil perkawinan AHMj dengan ayam lokal Indonesia) dan ayam lokal Indonesia yang lainnya (Gambar 5). Penemuan ini juga didukung oleh analisis NJ (Gambar 10) dan MJ (Gambar 11) yang menjelaskan bahwa NC_007237 dan AP003323 berada pada *haplogroup* D. Hasil analisis Bayesian

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

pada Gambar 11 juga menjelaskan bahwa NC_007237 dan AP003323 berada pada kelompok IV bersama dengan ayam lokal Indonesia yang lainnya. Oleh karena itu, penelitian ini menduga bahwa NC_007237 and AP003323 bukan merupakan sekuen D-loop dari *G. g. bankiva* yang murni, kemungkinan merupakan sekuen D-loop dari ayam hibrida hasil perkawinan AHMj dengan ayam lokal Indonesia. Ayam hibrida hasil perkawinan AHM dengan ayam lokal Indonesia (BRG) secara umum memiliki kemiripan fenotipe dengan AHM yang murni (Gambar 5).

Keragaman Genetik mtDNA D-loop Ayam Asli Indonesia dan Pengaruhnya terhadap Penentuan *Breed* Ayam

Secara umum, ayam Indonesia yang belum mengalami program seleksi dan pemuliaan yang intensif mempunyai keragaman *haplotype* (h) yang lebih tinggi ($0.50000 \leq h \leq 0.98182$) jika dibandingkan dengan ayam ras komersial yang sudah mengalami program seleksi dan pemuliaan bertahun-tahun ($0.00000 \leq h \leq 0.60000$) (Tabel 5). Hal ini sesuai dengan yang dikemukakan oleh Granevitze *et al.* (2007) bahwa semakin rendah keragaman *haplotype* dan nukleotida dari suatu populasi menunjukkan semakin tingginya tingkat isolasi yang terjadi dalam populasi efektif yang kecil. Lyimo *et al.* (2015) juga menemukan keragaman *haplotype* yang lebih rendah pada populasi ayam Eropa ($0.442 \leq h \leq 0.4472$) dibandingkan dengan ayam dari populasi Asia ($h=0.761$).

Granevitze *et al.* (2007) mengemukakan bahwa ayam yang sudah mengalami program seleksi seperti ayam ras komersial sebagai penghasil telur atau daging memiliki keragaman genetik yang paling rendah diikuti oleh ayam hias dalam populasi konservasi dan ayam yang dipelihara dengan sistem tradisional. Keragaman nukleotida (π) dapat digunakan untuk menggambarkan keragaman (polimorfisme) genetik suatu populasi (Nei dan Li 1979). Berdasarkan keragaman nukleotida pada Tabel 5, ayam asli Indonesia yang langka secara umum memiliki rata-rata keragaman genetik (π) yang lebih tinggi (0,00547) jika dibandingkan dengan ayam asli Indonesia yang lain (0.00472), ayam lokal (0.00538) dan ayam ras komersial (0,00101) (Tabel 5). Di antara ayam asli Indonesia yang langka, WLK memiliki keragaman nukleotida tertinggi (0,01806) diikuti oleh BkSr (0,00875), Bkk (0,00090), BRG (0,00495), GUN (0,00415), BS (0,00779) dan SUM (0,00669). Keragaman nukleotida ayam yang tinggi juga dilaporkan dari populasi ayam lokal di India (0.01800, Kanginakudru *et al.*, 2008), Vietnam (0.01, Berthouly-Salazar *et al.*, 2010), Thailand (0.0226, Pramual *et al.*, 2013) dan Laos (0.014519, Kawabe *et al.*, 2014). Keragamaman nukleotida ayam yang rendah juga dilaporkan dari populasi ayam komersial di Belanda (0.0063, Dana *et al.*, 2010), Eropa ($0.0030 \leq \pi \leq 0.0104$, Lyimo *et al.* 2015) dan Afrika (0.00745, Mwacharo *et al.*, 2011).

Tingginya keragaman genetik ayam Indonesia dibandingkan dengan ayam introduksi (Tabel 5) juga menunjukkan bahwa program seleksi ayam Indonesia untuk membentuk *breed* ayam untuk tujuan tertentu masih memungkinkan dilakukan untuk pemanfaatan ayam yang spesifik di masa mendatang. Hasil penelitian ini juga menduga bahwa program seleksi dan pemuliaan ayam yang diterapkan oleh peternak atau *breeder* ayam untuk membentuk ayam untuk tujuan khusus berdasarkan permintaan konsumen sangat mempengaruhi keragaman

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

genetik dan distribusi *haplotype* ayam. Pada ayam pesuara, pola suara dan penampilan fisik merupakan 2 kategori penilaian utama dalam kontes ayam pesuara, baik BkSr, GAG, PLg maupun AKB. Oleh karena itu untuk memenuhi permintaan konsumen, *breeder* BkSr dan juga ayam pesuara yang lainnya menyilangkan ayam-ayam pesuara tersebut dengan ayam Indonesia yang lain dan juga ayam ornamental. Pada BkSr, peternak secara umum melakukan perkawinan acak antara AHH (jantan) dengan beberapa *breed* ayam Indonesia, terutama KPG varian bulu hitam yang secara mudah ditemukan di seluruh Indonesia, CMN dan PLg, untuk mendapatkan penampilan fisik dan kualitas suara yang memenuhi kriteria kontes.

Peternak juga melakukan perkawinan antara AHH (jantan) dengan BgK dan ayam ornamental lainnya untuk mendapatkan varian baru BkSr. Mengingat pada kontes ayam BkSr (baik untuk kategori suara dan penampilan fisik) tidak ada standar penilaian tentang silsilah ayam, oleh karena itu, ditemukan beberapa varian BkSr yang mengikuti kontes nasional, seperti putih, merah, hitam dan *wido* (*silver*) (Gambar 5). Pada AKB, GAG dan PLG juga ditemukan beberapa varian masing-masing ditunjukkan pada Gambar 6, 8 dan 9. Di antara ayam pesuara Indonesia (AKB, BkSr, GAG dan PLg), BkSr memiliki keragaman genetik yang lebih rendah ($\pi=0,00875$) jika dibandingkan dengan GAG ($\pi=0,01473$) namun lebih tinggi jika dibandingkan dengan PLg ($\pi=0,00475$) dan AKB ($\pi=0,00553$).

Program pemuliaan yang dilakukan oleh peternak untuk membentuk ayam asli Indonesia penghasil daging (KPGb dan KPGj) diduga juga mempengaruhi distribusi *haplotype* mtDNA D-loop BkSr dan ayam Indonesia lainnya. Untuk meningkatkan produksi daging dan telur, peternak pada umumnya menyilangkan KPG dengan ayam ras pedaging (*broiler*) dan petelur (*layer*). Pada penelitian ini, KPGb dan KPGj merupakan ayam kampung sebagai penghasil daging yang pada awalnya dibentuk dengan menyilangkan KPG dengan *broiler*, *layer* dan BgK (Tabel 1). Oleh karena itu, penelitian ini juga menemukan ada 2 kelompok BkSr (Gambar 12), yaitu kelompok III (bersama dengan ayam KPG dan PLg) dan kelompok VII bersama dengan BgK, ayam Indonesia sebagai pedaging, ayam ras komersial penghasil daging dan telur dan ayam ornamental. Perkawinan antara ayam Indonesia dengan ayam yang berasal dari luar negeri dikhawatirkan akan menurunkan peran *breed* ayam asli dalam pembentukan *breed* ayam di Indonesia. Kawabe *et al.* (2014) juga menggarisbawahi perlunya pengendalian terhadap perkawinan ayam asli Laos dengan ayam dari luar negeri. terhadap *breed* ayam lokal dari Laos. FAO (2007) juga menyebutkan bahwa pengenalan domba Dorper ke Kenya telah menyebabkan hampir semua *breed* domba murni red maasai di Kenya menghilang.

Pohon filogeni pada Gambar 12 juga menjelaskan bahwa ayam Indonesia secara umum berasal dari KPG dan BkSr. Ayam bekisar (BkSr) terbagi menjadi 2 kelompok, yaitu III and VII. Pada kelompok II BkSr diperkirakan mempunyai hubungan yang dekat dengan PLg dan KPG. Sedangkan pada kelompok VII, BkSr diperkirakan mempunyai hubungan yang dekat dengan ayam petarung (BgK), Bkk, ayam asli Indonesia yang dimanfaatkan sebagai ayam pedaging (KPGb, KPGj dan NNK), ayam ras komersial penghasil daging dan telur (BRO, *barred plymouth rock* (AB007719) dan *white leghorn* (AB007723) dan BS dan BJ dari Amerika Utara. Kelompok VII juga merupakan kelompok sister dari WLK, CMN dan KDp

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

(kelompok VI). Sistem perkawinan antara AHH jantan dengan ayam domestik betina untuk menghasilkan generasi pertama (F1) yang disebut BkSr memungkinkan untuk menyebarnya BkSr pada kelompok III dan IV, sehingga secara umum BkSr kemungkinan belum dapat dikategorikan sebagai *breed* ayam tersendiri.

Peternak dan *breeder* BkSr juga melakukan perkawinan antara BkSr (jantan) dengan ayam Indonesia (betina) untuk menghasilkan Bkk. Perkawinan antara BkSr betina dengan AHH jantan juga dilakukan oleh peternak dan *breeder* ayam untuk menghasilkan BkSr halus (*light* BkSr). Hasil perkawinan tersebut tidak dapat disebut sebagai BkSr, tetapi disebut dengan Bkk. Namun demikian, perkawinan tersebut tidak selalu menghasilkan BkSr jantan seperti yang diharapkan dari hasil perkawinan antara AHH (jantan) dengan ayam lokal (betina). Lebih lanjut, berdasarkan hasil wawancara dengan 10 peternak BkSr, baik BkSr jantan maupun betina dilaporkan fertil. Oleh karena penelitian lebih lanjut perlu dilakukan untuk mengetahui penampilan reproduksi BkSr. Pada penelitian ini, BkSr dan Bkk membentuk *cluster* yang sama pada kelompok VII (Gambar 12) bersama dengan ayam lokal Indonesia dan ayam petarung dan ayam ras komersial yang lain. Penelitian ini merupakan penelitian pertama yang menjelaskan kontribusi AHH dalam pembentukan *breed* ayam domestik, terutama ayam lokal langka dan ayam lokal Indonesia yang lainnya, yang belum pernah diteliti oleh peneliti-peneliti sebelumnya (Nishibori *et al.* 2005; Sulandari *et al.* 2009; Sawai *et al.* 2010; Miao *et al.* 2013). Pembentukan BkSr dan Bkk yang melibatkan spesies liar AHH dan juga BRG yang melibatkan spesies liar AHMs diperkirakan mengikuti tahapan domestikasi yang dijelaskan oleh Zeuneur (1963) dan Zeder (2012) yang meliputi tahapan awal perkawinan acak, pengandangan, pengembangbiakan melalui perkawinan terkontrol, perkawinan terseleksi dan perbaikan *breed*. Namun demikian, pengambilan ayam hutan untuk pembentukan *breed* BkSr dan BRG dikhawatirkan akan menurunkan populasi ayam hutan di habitat aslinya. Oleh karena itu program penangkaran bagi ayam hutan perlu dikembangkan lebih lanjut untuk mencegah pengambilan ayam hutan dari alam.

Berdasarkan pohon filogeni pada Gambar 3, penelitian ini juga menduga bahwa pembentukan *breed* PLg diperkirakan terjadi setelah pembentukan BkSr, dan selanjutnya diikuti oleh AKB dan GAG. Berdasarkan informasi dari komunitas ayam pesuara Indonesia, kontes BkSr pertama kali diperkirakan terselenggara sebelum tahun 1800-an, diikuti oleh kontes PLg, AKB dan GAG yang masing-masing diselenggarakan pada tahun 1980, 1989 dan 2003. Sebelum dimanfaatkan sebagai ayam pesuara untuk tujuan kontes, BkSr secara umum digunakan sebagai simbol kekayaan, ritual keagamaan dan juga sebagai persembahan kepada raja-raja di Sumenep, pulau Madura. Oleh karena itu, BkSr kemungkinan merupakan ayam Indonesia pertama yang dimanfaatkan sebagai ayam pesuara pada masa kerajaan Sumenep di pulau Madura. Namun demikian, penelitian-penelitian selanjutnya untuk menjelaskan lebih detail tentang sejarah pembentukan BkSr masih perlu dilakukan.

Dibandingkan dengan ayam Indonesia yang lain, ayam pesuara Indonesia mempunyai keragaman genetik yang lebih tinggi (Tabel 5). Keinginan untuk membentuk pola suara tertentu dari ayam pesuara menyebabkan peternak menyilangkan ayam pesuara baik dalam *breed* yang sama maupun dengan *breed*

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

ayam pesuara yang berbeda, sehingga menghasilkan karakter kualitatif yang berbeda (Handiwirawan 2004; Bugiwati dan Ashari 2013; Rusfrida dan Arlina 2014), dan karakteristik molekuler mereka identik satu dengan yang lainnya. Penelitian ini juga menduga bahwa AKB dan GAG kemungkinan mempunyai hubungan genetik yang dekat karena berdasarkan analisis *median network* (Gambar 13), mereka mempunyai *haplotype* yang sama yang berada di *haplogroup* D1 dan D2. Hasil penelitian ini mendukung hasil penelitian Bugiwati dan Ashari (2014) yang menduga pola suara cepat yang sama dari AKB dan GAG pada panjang gelombang kedua (*2nd wave*). Sartika *et al.* (2004), Sulandari *et al.* (2008) dan Riztyan *et al.* (2011a) juga menduga adanya hubungan kekerabatan yang dekat diantara berbagai *breed* ayam Indonesia sehingga sulit untuk menentukan perbedaan di antara mereka. Adanya pasar khusus (*niche market*) untuk ayam pesuara di Indonesia juga menyediakan kesempatan yang baik untuk pengembangan program perbaikan mutu genetik yang sistematis dengan tetap mempertahankan *breed* ayam pesuara Indonesia.

Meskipun ayam Indonesia yang digunakan pada penelitian ini pada awalnya dipilih berdasarkan klasifikasi *breed* sesuai karakteristik fenotipe ayam (Sartika dan Iskandar 2007, Kementerian Pertanian Republik Indonesia 2011abcd), namun demikian hanya ayam yang berada pada *node* dengan probabilitas posterior > 50% yang dapat ditetapkan sebagai *breed* ayam yang berbeda. Penelitian ini menduga bahwa ayam Indonesia yang berada pada kelompok IV (Gambar 12) belum dapat dibedakan sebagai *breed* ayam yang spesifik berdasarkan sekuen mtDNA D-loop. Terbatasnya program pemurnian genetik ayam Indonesia yang dilakukan oleh peterak diduga menjadi salah satu faktor yang menyebabkan mengelompoknya ayam lokal Indonesia pada kelompok IV. Pada Gambar 12, GUN yang dikelompokkan sebagai ayam asli Indonesia yang langka juga berada pada kelompok III bersama dengan ayam Indonesia yang lain. Sistem pemeliharaan GUN yang dicampur dengan ayam Indonesia yang lain (terutama ayam kampung) diduga menjadi salah satu penyebab kemiripan *haplotype* GUN dengan KPG yang dipelihara dengan sistem umbaran (*schavenging system*). Sedangkan WLK ditemukan berada pada kelompok VI dan diduga mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dengan ARG, KPG dan CMN. Sartika dan Iskandar (2007) menduga CMN berasal dari seleksi yang ketat pada populasi KDh sehingga diperoleh varian CMN, KDh, KDp dan KDI. Di sisi lain, sampai saat ini asal-usul dan pembentukan ayam arab baik silver (ARS) maupun golden red (ARG) masih menjadi pertanyaan (Sartika dan Iskandar 2007, Sulandari *et al.* (2007)). Riztyan (2011ab) menduga ayam arab berasal dari negara Mediterania. Berdasarkan pohon filogeni pada Gambar 11, ARS dan ARG berada pada kelompok IV dan VI terpisah dari ayam-ayam yang berasal dari Mediterania dan Eropa. Hal ini juga didukung oleh hasil analisis MJ (Gambar 12) yang menjelaskan ARG dan ARS berada pada *haplogroup* D bersama dengan ayam Indonesia yang lain, sedangkan ayam dari Eropa dan Mediterania berada pada *haplogroup* E.

Ayam walik (WLK) diketahui memiliki gen F (Hutt 1930) yang menyebabkan WLK lebih toleran terhadap suhu ambien yang tinggi sehingga menghasilkan pertumbuhan dan metabolisme yang lebih baik dibandingkan dengan ayam yang berbulu normal (Yunis dan Cahaner 1999; Nwachukwu *et al.* 2006; Mahrous *et al.* 2008; Sarifi *et al.* 2010a) namun dalam kondisi homozigot dominan

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

(FF), WLK mengalami penundaan kematangan reproduksi (Sarifi *et al.* 2010a). Adanya gen Na yang dimiliki oleh GUN (Hutt 1930, 1949) juga menyebabkan GUN lebih toleran terhadap suhu ambien yang tinggi, namun demikian dalam kondisi homozigot dominan, angka kematian embrio yang tinggi ditemukan pada GUN (Yalçın *et al.* 1997; Yunis dan Cahaner 1999; Nwachukwu *et al.* 2006; Mahrous *et al.* 2008; Deeb dan Cahaner 2001; Sarifi *et al.* 2010b). Kombinasi antara gen-gen mayor seperti gen F, Na dan kerdil (*dwarf*; *dw*) terbukti menghasilkan penampilan produksi ayam yang lebih baik dibandingkan dengan ayam yang hanya memiliki gen mayor tunggal saja (Yunis dan Cahaner 1999; Nwachukwu *et al.* 2006; Mahrous *et al.* 2008; Sarifi *et al.* 2010a). Sampai saat ini GUN dan WLK di Indonesia belum dimanfaatkan untuk tujuan tertentu (Sidadolog 2007), salah satunya disebabkan karena GUN dan WLK belum begitu dikenal oleh masyarakat sehingga pemanfaatannya juga belum optimal. Beberapa varian juga ditemukan pada GUN dan WLK (Gambar 5), seperti halnya ayam Indonesia yang lainnya (Gambar Gambar 4-9) sehingga berdasarkan sekuen mtDNA D-loop, GUN belum bisa dibedakan dengan ayam lokal Indonesia yang lainnya. Namun demikian, WLK diperkirakan sudah dapat dikenal sebagai *breed* tersendiri (Gambar 11), terutama WLK yang berasal dari pulau Sumatera yang berada di *haplogroup* B1. Berdasarkan analisis MJ (Gambar 13), WLK menyebar di *haplogroup* B bersama dengan ayam berbulu terbalik dari Bhutan. British Poultry Standard (Roberts 2008) telah mengelompokkan GUN dan WLK sebagai *miccelenous breed*, terpisah dengan *breed* ayam yang dimanfaatkan sebagai penghasil daging dan telur. Namun demikian, GUN dan WLK yang ada di Indonesia pada umumnya dimanfaatkan sebagai ayam dwiguna dan di beberapa daerah di Indonesia dimanfaatkan dalam ritual keagamaan.

Pengembangan program seleksi ayam Indonesia yang sistematis untuk pembentukan *breed* murni ayam asli perlu dilakukan untuk menentukan perbedaan diantara *breed* ayam (Sartika 2012). Pelestarian genetik ayam Indonesia juga sangat penting untuk dilakukan dalam rangka menjaga karakter genetik yang spesifik yang hanya dimiliki oleh ayam Indonesia untuk pemanfaatannya di masa yang akan datang. Sampai saat ini program seleksi terhadap populasi ayam asli Indonesia yang dilakukan peternak masih terbatas, terutama pada populasi ayam kampung 4 dari Jawa Barat (KPGd), ayam kampung 5 dari Sumatera (KPGs) dan kampung 6 dari Sulawesi (KPGI). Ayam-ayam tersebut masih dipelihara dengan sistem umbaran (*scavenging system*) (Tabel 1) yang memungkinkan terjadinya perkawinan antar beberapa *breed* ayam yang dipelihara peternak. Peternak juga tidak melakukan seleksi terhadap populasi ayam-ayam tersebut sehingga keragaman ayam masih tinggi. Ayam kampung dari Sumatera (KPGs) memiliki keragaman genetik yang paling tinggi (0.00766) dibandingkan dengan populasi ayam kampung lainnya (Tabel 4). Pada umumnya, keragaman genetik yang tinggi akan melindungi suatu populasi spesies dari ancaman perubahan iklim yang ekstrim dan juga penyakit (FAO 2007) sehingga upaya untuk mempertahankan keragaman genetik ayam penting dilakukan untuk pemanfaatan di masa mendatang.

Pada kelompok VII, BkSr diperkirakan mempunyai hubungan dekat dengan BgK, Bkk, ayam lokal pedaging (KPGb, KPGj dan NNK), ayam ras komersial (*barred plymouth rock* BPR, AB007719, *white leghorn* WL, AB007723) dan BS

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dan BJ dari USA. Gambar 11 juga menunjukkan bahwa KDh dan SUM yang berada pada kelompok IV terpisah dengan BS dan BJ yang berada pada kelompok VII. Perkawinan ayam lokal dengan ayam dari luar negeri baik broiler, layer maupun ayam ornamental (hias) dan petarung dalam program pemuliaan ayam lokal Indonesia secara intensif dikhawatirkan dapat menyebabkan meningkatnya erosi genetik terhadap ayam asli Indonesia. Perkiraan tingkat erosi genetik ayam Indonesia akibat introduksi ayam-ayam dari luar negeri sampai saat ini masih terbatas informasinya. Namun demikian, secara umum, berdasarkan Bank Data Global PBB untuk sumberdaya genetik ternak, sekitar 20% dari jumlah *breed* yang dilaporkan (7.616 *breed* ternak) dikategorikan dalam status beresiko dan 62 *breed* ternak telah punah (1 *breed* ternak hilang dalam setiap bulannya (FAO 2007). Oleh karena itu perlu dilakukan pengawasan yang ketat oleh pemerintah terhadap praktik perkawinan ayam Indonesia dengan ayam introduksi dalam program pemuliaan ayam Indonesia untuk melindungi kemurnian genetik ayam Indonesia dan menghindari dari kepunahannya.

Aliran Genetik dan Hubungan Kekerabatan Ayam Indonesia dengan Ayam dari Negara lain di Dunia

Aliran genetik merupakan pergerakan dan pergantian *breed* hewan atau plasma nutfah pada ternak yang terjadi sejak masa prasejarah dan dikendalikan oleh banyak faktor seperti budaya, militer, organisasi, institusi, politik, pasar, teknologi, penelitian, penyakit dan peraturan (FAO 2007). Pada skala global, pergerakan dan perpindahan manusia juga menyebabkan penyebaran ternak. FAO (2007) menetapkan 5 jenis ternak yang saling terkait dalam proses penyebarannya, yaitu sapi, domba, unggas (terutama ayam), kambing dan babi, dimana ayam, sapi dan domba diketahui telah menyebar dengan cakupan wilayah geografi yang lebih luas jika dibandingkan dengan kambing dan babi.

Penelitian ini menduga adanya 3 rute aliran genetik utama (r_2 , r_1 , r_2 dan r_3) yang menghubungkan ayam lokal Indonesia dengan ayam-ayam lain di dunia. *Root* r_1 menghubungkan genetik ayam lokal Indonesia pada *haplogroup* D dengan ayam-ayam dari Cina, India, Jepang dan Korea yang berada pada *haplogroup* C. Melalui *root* r_1 , ayam asli dan ayam lokal Indonesia, ayam dari Cina, India, Jepang dan Korea yang berada pada *haplogroup* C dan ayam lokal Indonesia yang berada pada *haplogroup* D berhubungan dengan AHH dengan perbedaan 75 *step*.

Penelitian ini juga menduga bahwa perpindahan manusia dan adanya penjajahan juga berperan penting dalam mempengaruhi penyebaran ayam, aliran genetik dan pembentukan *breed* ayam lokal Indonesia (Gambar 13). Menurut Ricklefs (2001), penganut agama Islam dari Asia (Arabia, India, Cina dan negara-negara Asia yang lain) sudah menetap secara permanen di Indonesia sejak tahun 1082, sejak sebelum masa kejayaan Islam di Indonesia. Selama proses perpindahan dari negara asalnya ke Indonesia, manusia juga diduga membawa ayam dan ternak lain seperti kuda dan sapi yang mereka miliki. Oleh karena itu, penelitian ini menduga adanya kontribusi ayam-ayam dari Bangladesh, India, Cina dan Asia yang lainnya terhadap keragaman genetik ayam lokal Indonesia, terutama yang ditemukan pada *haplogroup* D7 (Gambar 13).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Food and Agriculture Organization of The United Nations (FAO) (2007) menjelaskan adanya pola pergerakan paksa dalam fase sejarah aliran genetik ternak yang meliputi: (1). Fase 1: prasejarah sampai abad ke-18, (2). Fase 2: abad ke-19 sampai pertengahan abad ke-20 dan (3). Fase 3: pertengahan abad ke-20 sampai sekarang. Namun demikian, tidak banyak data tentang SDG ayam lokal Indonesia pada fase prasejarah. Selama masa kejayaan kerajaan-kerajaan yang ada di Indonesia sampai dengan masa Hindu-Budha dan masa permulaan masuknya agama Islam (*pre-Islamic era*) pada tahun 1300-1500, kegiatan penyebaran agama-agama di Indonesia telah menyebabkan warga negara India, Cina dan juga Asia Tenggara berpindah ke Indonesia dan menetap di Indonesia (Ricklefs 2001). Menurut (Reid 1980), pada masa kerajaan, kota-kota besar di Sumatera dan Peninsula Malaysia tidak hanya dihuni oleh orang-orang Indonesia yang berasal dari berbagai pulau di Indonesia, namun juga dihuni oleh warga negara dari Cina dan India. Sulandari *et al.* (2008) juga menduga suku Bugis yang pindah ke Madagaskar juga membawa ayam lokal Indonesia sehingga ayam lokal Indonesia mempunyai haplotype yang serupa dengan ayam dari Madagaskar. Oleh karena itu, penelitian ini menduga bahwa sebelum masa penjajahan terjadi di Indonesia, ayam-ayam yang berasal dari India, Cina dan Asia Tenggara, termasuk Laos, Myanmar, Thailand, Mediterania dan Afrika juga sudah berada di Indonesia (Gambar 14) melalui penyebaran agama, budaya dan perdagangan.

Hipotesa ini didukung oleh hasil analisis MJ mtDNA D-loop ayam pada Gambar 12 yang menunjukkan bahwa *haplogroup* yang merupakan *haplogroup* spesifik ayam lokal Indonesia juga tersusun dari *haplotype* mtDNA D-loop ayam yang berasal dari: (1). Cina, India dan Thailand (D1), (2). Afrika, Bangladesh, Cina, Myanmar, India, Malaysia dan Thailand (D2), dan (3). Bangladesh, Cina, India, Korea, Laos, Malaysia, Myanmar dan Thailand (D3). Berdasarkan analisis partial sekuen mtDNA D-loop ayam, Pramual *et al.* (2013) juga menemukan bahwa ayam dari Indonesia mempunyai hubungan yang dekat dengan ayam dari Cina, India dan Thailand. Sistem perkawinan berbagai *breed* ayam secara intensif untuk mempertahankan bentuk atau tipe ayam tertentu kemungkinan sudah terjadi pada masa kerajaan yang melibatkan ayam-ayam dari negara-negara di Asia, India dan negara-negara Islam di Mediterania sehingga penelitian ini menduga bahwa ayam-ayam yang mengelompok pada *haplogroup* B dan E kemungkinan terbentuk setelah pembentukan ayam-ayam pada *haplogroup* D, C dan Y yang berasal dari Indonesia dan negara-negara lain di Asia Tenggara. Penelitian ini juga didukung oleh hasil penemuan Storey *et al.* (2013) yang menemukan haplogroup D terdiri dari ayam-ayam yang berasal dari negara-negara di bagian timur dunia dan juga Indonesia, Filipina, Thailand, Myanmar, Madagaskar, India, Okinawa dan Cina Selatan.

Root r2 juga merupakan salah satu rute utama aliran genetik yang menghubungkan ayam Indonesia pada *haplogroup* B dan D dengan ayam dari Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea dan USA pada haplogroup E2. Sedangkan *root* r3 menghubungkan aliran genetik yang menghubungkan ayam Indonesia di B, D dan E2 dengan ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Mediterania dan USA. Berdasarkan hal tersebut di atas, maka penelitian ini mendukung teori multi spesies asal-usul ayam domestik (*multiphyletic*) seperti yang dinyatakan oleh Liu *et al.* (2006b), Gongora *et al.* (2008), Kanginakudru *et al.* (2008), Muchadeyi *et al.* (2008), Cuc *et al.* (2011), Storey *et al.* (2012), Miao *et al.* (2013), Langford

et al. (2013), Pramual *et al.* (2013), Kawabe *et al.* (2014) yang berbeda dengan teori domestikasi continental tunggal (*monophyletic*) yang dikemukakan oleh Crawford (1990), Siegel *et al.* (1992), Fumihito *et al.* (1994, 1996), Hillel *et al.* (2003) dan Sulandari dan Zein (2009).

Perpindahan ayam-ayam dari Belanda ke Indonesia diperkirakan terjadi pada periode 1667-1675 pada saat *United East India Company* atau *Vereenigde Oost-Indische Compagnie* (VOC) berada di Indonesia (Ricklefs 2001) (Gambar 13). Sejarah juga mencatat bahwa pembentukan NNK di Kalimantan Timur kemungkinan terjadi pada selama masa penjajahan di Indonesia pada abad ke 18. Warga negara Cina yang pindah dan menetap di ke Kalimantan Timur dengan tujuan untuk bekerja di perusahaan-perusahaan milik VOC kemungkinan juga membawa ayam-ayam mereka dari Cina dan menyilangkannya dengan ayam Indonesia sehingga terbentuklah NNK (Sartika and Iskandar 2007). Analisis MJ pada Gambar 12 juga menunjukkan bahwa NNK mengelompok pada *haplogroup* E1 dan E2 bersama dengan ayam-ayam dari Amerika Utara, Eropa, Jepang, India, Cina, Korea, Afrika, Mediterania yang meliputi 5 wilayah regional SoW-ANGR sehingga NNK juga dikategorikan sebagai *breed* lintas internasional (Tabel 7). Menurut FAO (2007), Rhode Island Red, Plymouth Rock dan New Hampshire yang merupakan ayam untuk tujuan dwi guna (petelur dan pedaging) diketahui sebagai 3 *breed* ayam dari Amerika Utara yang paling banyak tersebar di dunia, termasuk Indonesia. Sedangkan *breed* leghorn merupakan ayam penghasil telur dari Eropa yang paling banyak tersebar di seluruh dunia, termasuk Indonesia, untuk pembentukan strain ayam komersial.

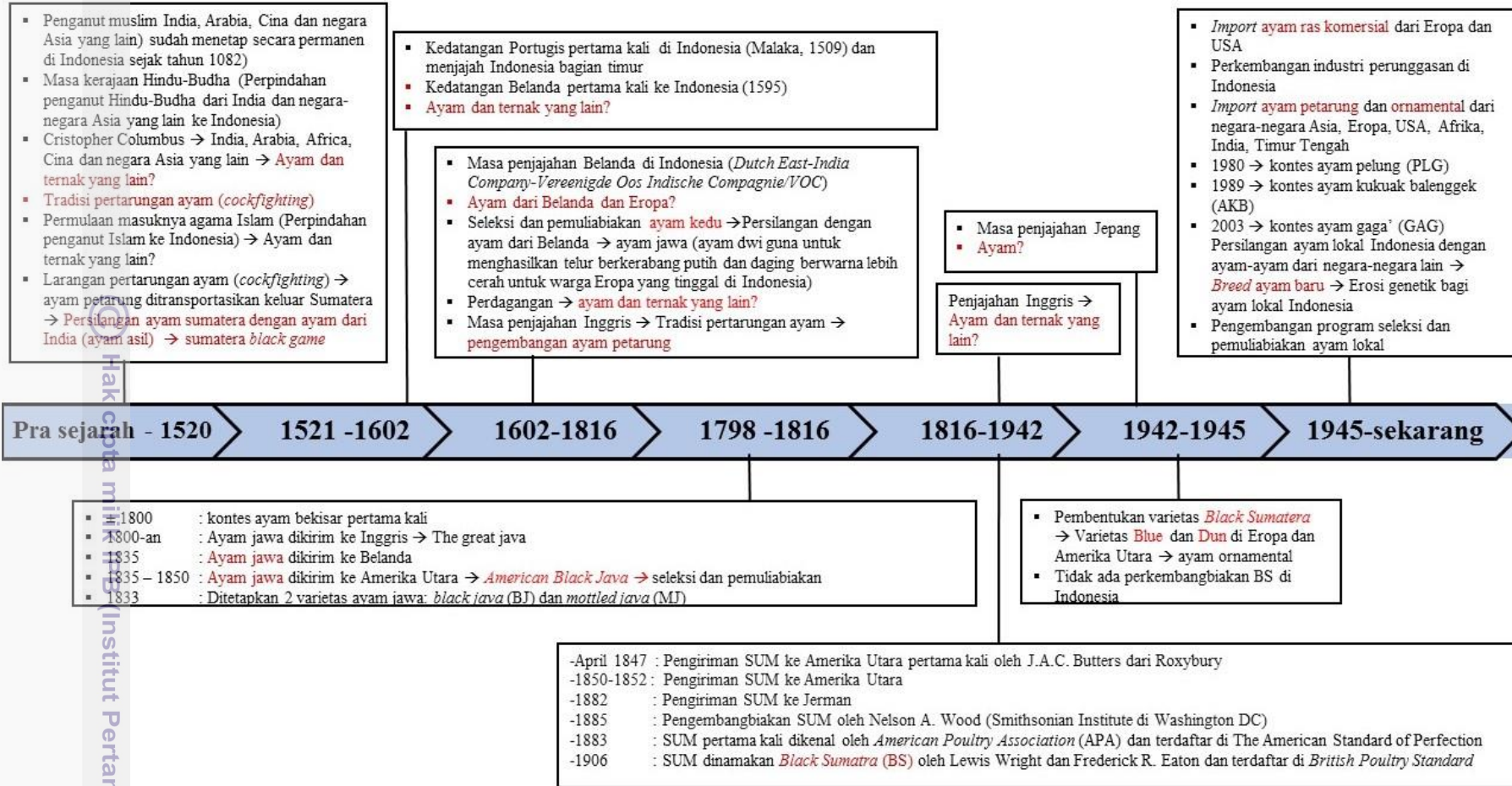
Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan lain.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang



Gambar 14 Hipotesa sejarah perpindahan manusia yang terjadi di Indonesia dan pengaruhnya terhadap perpindahan dan pembentukan *breed* ayam Indonesia

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Pengaruh penjajahan dan perpindahan manusia terhadap perpindahan dan pembentukan *breed* ayam di beberapa negara di dunia juga telah dijelaskan oleh Storey *et al.* (2007), FAO (2007), Gongaro *et al.* (2008) dan Dancause *et al.* (2011). Ricklefs (2001) juga menyatakan bahwa selama proses perpindahan dari negara asalnya ke Indonesia, manusia juga diduga membawa ternak lain seperti kuda dan sapi yang mereka miliki. Aliran genetik babi dan sapi akibat adanya penjajah Eropa di West Indies (tahun 1512), Mexico (tahun 1520), wilayah Inca (tahun 1530) dan Florida (tahun 1565) dan Australia juga dijelaskan oleh Crosby (1986).

Sebagian besar *breed* ayam modern yang ada saat ini di Eropa dan Amerika Utara dikembangkan pada akhir abad ke-19 oleh *breeder* terutama untuk tujuan pertunjukan baik menggunakan bibit ayam asli maupun yang didatangkan dari luar negeri (Crawford 1995). Roberts (2008), *The American Poultry Association* (1956, 2010) menduga bahwa BS berasal dari pulau Sumatera. Pada abad ke delapan belas (18), KDh dan SUM dari Indonesia diperkirakan juga dikirim ke Eropa dan Amerika (Bennet 1856; Cooper 1869; Finsterbusch 1929; Roberts 2008). Ayam-ayam tersebut kemungkinan juga mempunyai kontribusi yang penting dalam pembentukan ayam-ayam yang ada saat ini di Eropa dan Amerika (*The American Poultry Association* 1910, 1956; Smith 1921; Dana *et al.* 2010). *The American Poultry Association* (1915) juga menyatakan bahwa ayam Cornish dihasilkan dari perkawinan antara Lord Derby *black-breasted red game* dengan *red aseel* dari India dan *sumatera game*. Namun demikian, pada penelitian ini, *haplotype* mtDNA D-loop KDh dan SUM tersebar secara eksklusif pada *haplogroup* D sedangkan *haplotype* mtDNA D-loop BJ dan BS dari Amerika Utara berada pada *haplogroup* E. Penelitian ini juga tidak menemukan adanya aliran genetik ayam Amerika Utara (BJ dan BS) pada *haplogroup* D (Gambar 13). Hal ini juga didukung oleh pohon filogeni pada Gambar 12 yang menunjukkan bahwa BJ dan BS berada pada kelompok VII terpisah dari KDh yang berada pada kelompok IV. Hasil analisis MJ (Gambar 13) juga menjelaskan bahwa KDh dan SUM berada pada *haplogroup* D, sedangkan BJ dan BS mengelompok pada *haplogroup* E bersama-sama dengan ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, Eropa, India, Indonesia, Iran dan Jepang. Oleh karena itu, pendugaan asal-usul dan hubungan kekerabatan yang dekat antara BJ dan BS dari USA dengan SUM dan KDh tidak terbukti pada penelitian ini.

Ayam-ayam Belanda diduga didatangkan ke Indonesia pada periode tahun 1667-1675 (Ricklefs 2001). Sampai saat ini belum tersedia data tentang kontribusi ayam dari Eropa terhadap perkembangan pembentukan *breed* ayam Indonesia. Namun demikian, pada abad ke 18, ayam jawa diperkirakan dikirim ke Belanda, Inggris dan Amerika. Di New York ayam ini dikenal sebagai ayam jawa (*the great java*) dengan karakteristik warna bulu hitam, kaki hitam yang panjang dan jengger tunggal, produksi telur dan citarasa telur yang baik (Gambar 14). Ayam jawa juga disebut sebagai *american black java*. Perkawinan dengan *breed-breed* ayam Eropa dan Amerika diperkirakan telah terjadi pada ayam jawa (Bennet 1856) sehingga pada tahun 1833 ditetapkan 2 varietas ayam jawa yaitu *black* dan *mottled* (*The American Poultry Association* 1883; Smith 1921; *The American Poultry Association* 1951) juga menduga adanya perkawinan antara ayam Dominique dengan ayam hitam jawa dalam pembentukan Plymouth Rock yang menghasilkan 2 varietas yaitu *barred* dan putih yang pertama kali dipublikasikan dalam *The American Standard of Perfection* masing-masing pada tahun 1869 dan 1888. Oleh

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

karena itu penelitian ini menduga bahwa proses seleksi dan pemuliaan ayam jawa yang telah terjadi selama lebih dari 200 tahun di Eropa dan USA diperkirakan menyebabkan BJ yang ada di saat ini berbeda dengan KDh yang ada di Indonesia seperti yang ditunjukkan pada Gambar 12 dan 13.

Finsterbusch (1929) menduga bahwa sebelum SUM ditransportasikan ke Eropa dan USA, telah terjadi perkawinan antara SUM dengan ayam petarung dari India (ayam asil) yang selanjutnya disebut dengan sumatera *black game*). Ayam sumatera (SUM) asli yang berasal dari pulau Sumatera mempunyai ukuran yang lebih kecil daripada sumatera *black game* dengan bulu yang lebat dan bulu ekor yang panjang. Namun demikian, sampai saat ini masih belum tersedia data kapan terjadinya proses perkawinan SUM dengan ayam asil Cooper 1869). Proses seleksi dan pemuliaan SUM sebagai ayam petarung diperkirakan berkembang mengikuti tradisi pertarungan ayam (*cockfighting*) yang diselenggarakan baik di Indonesia maupun di India dan Eropa (terutama Inggris) (Finsterbusch 1929). Proses seleksi dan pemuliaan SUM di USA dan Eropa juga diperkirakan terus berlangsung sampai saat ini. Penelitian ini menemukan ayam sumatera yang berasal dari USA (BS) berbeda dengan ayam sumatera (SUM) yang berasal dari Indonesia baik berdasarkan karakteristik kualitatif (Gambar 1) maupun molekuler (Gambar 12 dan 13).

Penjajahan Jepang di Indonesia (1942-1950) diduga juga berkontribusi terhadap keragaman ayam-ayam yang ada di Indonesia. Gambar 12 menunjukkan bahwa pada *haplogroup* E1 dan E2 ayam pesuara dari Jepang mempunyai *haplotype* yang serupa dengan ayam lokal Indonesia yang dihasilkan dari proses seleksi dan pemuliaan untuk tujuan khusus, yaitu ARGb sebagai ayam petelur, PLg berkaki putih atau kuning sebagai ayam pesuara dan NNK sebagai ayam pedaging bersama dengan ayam-ayam dari Afrika, Bangladesh, Cina, Eropa, India, Mediterania, Jepang dan USA. Namun demikian, Nishibori *et al.* (2005) juga menduga bahwa ayam pesuara dari Jepang terutama berasal dari ayam petarung dari Cina yang mengalami proses seleksi yang intensif. Kedekatan hubungan ayam pesuara Indonesia (PLg) dengan ayam pesuara dari Jepang dan ayam dari Cina juga ditemukan pada *haplogroup* E. Gongora *et al.* (2008) juga menemukan *haplogroup* E terdiri dari *haplotype* mtDNA D-loop ayam ras komersial yang merupakan hasil perkawinan berbagai *breed* ayam yang berasal dari Cina, Jepang, India, Mediterania, Eropa dan USA.

Wilayah Penyebaran Ayam Asli Indonesia Berdasarkan Sekuen mtDNA D-loop

Berdasarkan pembagian wilayah regional SOW-AnGR (yaitu Afrika, Asia (termasuk India), Eropa, Kaukasus, Amerika Latin, Karibia, Mediterania dan sekitarnya, Amerika Utara dan Baratdaya Pasifik), penelitian ini menemukan 5 wilayah regional SoW-AnGR yaitu Afrika, Asia, Eropa, Mediterania dan sekitarnya dan Amerika Utara (Gambar 12). Namun demikian, ayam-ayam yang berasal dari Amerika Latin dan Baratdaya Pasifik kemungkinan juga berkontribusi dan mempengaruhi sebaran ayam-ayam di dunia mengingat Gongora *et al.* (2008) juga menemukan bahwa ayam-ayam dari Indo-Eropa dan Asia berkontribusi terhadap keragaman genetik dan pembentukan *breed* ayam di negara Chile dan Pasifik

berdasarkan analisis *partial* sekuen mtDNA D-loop ayam (530 bp). Ayam yang berasal dari Amerika Latin pada umumnya mengelompok pada *haplogroup* A, B dan E. Tidak tersedianya data sekuen komplit mtDNA D-loop yang di *Genbank* untuk ayam-ayam dari wilayah regional Amerika Latin, Baratdaya Pasifik dan wilayah regional SoW-ANGR lainnya menyebabkan analisis data pada penelitian ini tidak menyertakan data sekuen mtDNA D-loop ayam dari wilayah regional tersebut.

Penelitian ini menemukan 3 kelompok ayam Indonesia berdasarkan pembagian wilayah regional SOW-AnGR:

1. *Breed* asli yang terdiri dari KDI, KPd, KPt dan SUM
2. *Breed* lintas regional yang terdiri dari ARGb, ARGt, ARS, AKB, BkSr, Bkk, BRG, CMN, GAG, GUN, KDI, KPGb, KPGd, KPGt, PLg, SUM, STL, WLK
3. *Breed* lintas internasional yang terdiri dari ARGb, KPGb dan NNK

Breed lintas regional secara umum ditemukan pada ayam yang berasal dari Asia. Sedangkan *breed* lintas internasional diduga merupakan hasil perkawinan dari berbagai *breed* ayam di dunia, terutama Afrika, Bangladesh, Cina, Eropa, India, Mediterania, Jepang dan USA. Program pelestarian dan pengembangan *breed* ayam lokal yang hanya ada di wilayah Indonesia (KDI, KPd, KPt dan SUM) perlu dilakukan oleh peternak dan juga *breeder* asli dengan dukungan dari pemerintah Indonesia. Penggunaan ayam hias maupun ayam ras komersial untuk tujuan pemuliaan *breed* ayam lokal tersebut seharusnya dibatasi untuk melindungi keunikan plasma nutfah *breed* ayam Indonesia. Notter (1999), FAO (2007) juga menyarankan pentingnya untuk menjaga keragaman sumberdaya genetik (SDG) ternak asli karena SDG ternak asli dapat menyediakan bahan baku bagi perbaikan genetik dan *breed* ternak yang berkelanjutan dan untuk memfasilitasi proses adaptasi yang cepat sesuai dengan perubahan lingkungan dan tujuan seleksi. Hasil penelitian ini sangat bermanfaat untuk menyediakan data genetik ayam Indonesia sebagai salah satu persyaratan teknis dalam penetapan rumpun hewan di Indonesia (Kementerian Pertanian Republik Indonesia 2014).

SIMPULAN

Ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, SUM, GUN dan WLK) memiliki rataan keragaman genetik yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam Indonesia yang lain, dan ayam ras komersial. Ayam Indonesia tersebar pada *haplogroup* C, D, E dan Y, dimana ayam asli Indonesia yang langka secara eksklusif berada pada *haplogroup* D dan E. Ayam-ayam yang mengelompok pada *haplogroup* B dan E diperkirakan berasal dari *haplogroup* D, dan sebagian lagi berasal dari *haplogroup* C and Y. Pendugaan hubungan kekerabatan yang dekat antara BJ dan BS dari USA (*haplogroup* E) dengan SUM dan KDh (*haplogroup* D) tidak terbukti pada penelitian ini. Oleh karena itu, domestikasi ayam kemungkinan terjadi di Indonesia, Laos, Malaysia, Myanmar, Thailand dan negara-negara Asia Tenggara yang lain, Cina dan juga India. Asal-usul *multiphyletic* ayam Indonesia telah berhasil dijelaskan dalam penelitian ini. Penelitian ini juga menduga bahwa ayam lokal Indonesia terutama berasal dari BkSr dan KPG, sehingga penelitian ini juga mendukung hipotesa adanya kemungkinan hibridisasi AHH dengan ayam domestik, tidak hanya *hibridisasi* AHM dengan ayam domestik saja. Penelitian



ini juga menemukan tiga aliran mtDNA D-loop ayam yang menentukan asal-usul ayam asli Indonesia yaitu: (1) Cina, India, Jepang dan Korea, (2). Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Laos, Myanmar dan Thailand dan (3). Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Mediterania dan USA. Secara umum, ayam asli Indonesia yang langka mengelompok pada *haplogroup* D, yang membedakan ayam Indonesia dengan ayam-ayam dari negara-negara lainnya. Oleh karena itu, pelestarian ayam Indonesia sangat penting untuk dilakukan untuk mempertahankan keragaman genetik dan juga untuk pemanfaatannya di masa depan. Pembentukan galur murni ayam asli Indonesia seharusnya didukung oleh oleh program seleksi dan pemuliaan yang sistematis.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

3 VARIASI DAN EVOLUSI GEN *MYXOVIRUS* (M_x) *RESISTANCE* PADA AYAM INDONESIA BERDASARKAN SEJARAH PROGRAM SELEKSI DAN PEMBENTUKAN *BREED*

PENDAHULUAN

Latar Belakang

Penyakit yang disebabkan oleh virus seperti AI dan ND merupakan penyakit utama yang menyebabkan kematian yang tinggi pada unggas di Indonesia dan juga dunia secara umum yang telah terbukti menyebabkan kerugian ekonomi yang sangat besar (Technical Support Medion 2014; Dharmayanti *et al.* 2014; *World Organization for Animal Health* 2015). Penyakit AI dan ND dapat menyebabkan kematian ayam hingga 100% (Liu *et al.* 2014). Tingkat mortalitas akibat infeksi AI dan ND di Indonesia dapat mencapai 90% (Dharmayanti *et al.* 2006) dan 70-80% (Xiao *et al.* 2012) dengan penyebaran penyakit yang berlangsung sangat cepat. Sejak wabah pertama virus H5N1 *highly pathogenic avian influenza* (HPAI) terdeteksi di Indonesia pada Desember 2003, secara cepat virus HPAI menjadi endemik di Indonesia (Smith *et al.* 2006; Sedyaningsih *et al.* 2007) dan berlanjut menyebabkan transmisi zoonosis kepada manusia pada awal Juli 2005 (Sedyaningsih *et al.* 2007). Pemerintah Indonesia juga telah menetapkan aturan pemusnahan populasi unggas yang teridentifikasi mengalami wabah AI untuk memutuskan rantai penularan penyakit ke populasi unggas yang lain (Peraturan Pemerintah No. 82 tahun 2000 tentang karantina hewan, Peraturan Menteri Pertanian No. 50/Permentan/OT.140/10/2006 tentang pedoman pemeliharaan unggas di pemukiman, Keputusan Menteri Pertanian No. 3238/Kpts/PD.630/9/2009 tentang penggolongan jenis-jenis hama penyakit hewan karantina). Kejadian penyakit pandemik yang luar biasa juga kemungkinan menjadi factor utama yang dapat menyebabkan hilangnya *breed* ayam yang terbatas distribusi dan populasinya (langka) (FAO 2007). Oleh karena itu tingginya daya tahan (resistensi) ayam terhadap penyakit viral selanjutnya diperkirakan dapat menyelamatkan hilangnya *breed* ayam yang langka akibat kejadian penyakit viral tersebut.

Salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk mengetahui resistensi ayam terhadap penyakit viral adalah dengan melakukan karakterisasi terhadap gen M_x ayam. Gen M_x pada ayam diketahui menghasilkan protein antivirus yang spesifik terhadap Orthomyxoviridae dan Rhabdoviridae (Lee dan Vidal 2002). Virus ND (Paramyxoviridae) merupakan kelompok virus yang berhubungan dekat dengan virus influenza (Orthomyxoviridae), dan ayam merupakan salah satu host alami dari virus AI (Easterday 1975). Oleh karena itu bentuk aktif protein M_x ayam diperkirakan akan efektif untuk melawan patogen dalam kondisi alami (Ko *et al.* 2004). Substitusi *nonsynonomius* pada posisi 631 (serin (Ser) menjadi asparagin (Asn), S631N)) dari gen M_x telah diketahui sebagai satu-satunya SNP yang berasosiasi dengan aktivitas antivirus. Alel A (alel M_x⁺) yang menyandikan Asn pada posisi 631 menunjukkan aktivitas resisten terhadap virus AI. Sedangkan alel G (alel M_x⁻) yang menyandikan Ser pada posisi yang sama dikenal sebagai alel yang

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

rentan terhadap virus AI (Ko *et al.* 2002). Mutasi gen Mx pada lokus S631N selanjutnya dijadikan dasar untuk meningkatkan resistensi genetik ayam terhadap virus AI (Benfield *et al.* 2008, Sartika *et al.* 2011, Sironi *et al.* 2008, Benfield *et al.* 2010, O'Neil *et al.* 2010, Yin *et al.* 2010), ND (Pagala *et al.* 2013), IBD (O'Neil *et al.* 2010) dan juga respon kekebalan ayam terhadap antigen (Qu *et al.* 2009b, Liu *et al.* 2014). Namun demikian, alel A ternyata juga tidak menunjukkan resistensi terhadap aktivitas virus (Benfield *et al.* 2008, Benfield *et al.* 2010, O'Neil *et al.* 2010, Wang *et al.* 2012), atau pada ayam yang diinfeksi virus secara langsung (Sironi *et al.* 2008, Wang *et al.* 2012, Schusser *et al.* 2011). Sartika *et al.* (2011) juga mengemukakan bahwa penampilan reproduksi ayam Indonesia tidak berbeda di antara genotipe gen Mx. Qu *et al.* (2009b) juga mengkonfirmasi tidak ada pengaruh antara alel resisten A terhadap respon kekebalan tubuh ayam terhadap virus AI. Oleh karena itu, seleksi pada *breed* ayam untuk meningkatkan resistensi terhadap virus berdasarkan alel Asn631 belum terjamin keberhasilannya (Benfield *et al.* 2008, Benfield *et al.* 2010, Yin *et al.* 2010, Wang *et al.* 2012), sehingga masih perlu penelitian lanjutan.

Pada umumnya, ayam Indonesia dimanfaatkan sebagai penghasil pangan, tujuan keagamaan, penghasil suara untuk tujuan kontes, dan untuk tujuan ornamental (Tabel 1). Perbedaan sejarah program seleksi dan pembentukan *breed* ayam diperkirakan menghasilkan perbedaan karakteristik gen Mx pada ayam lokal Indonesia mengingat Li *et al.* (2006; 2007) menemukan tingginya kejadian mutasi gen Mx pada berbagai populasi dan *breed* ayam lokal di Cina yang mengalami sejarah seleksi dan pemuliaan ayam yang berbeda. Lebih lanjut Li *et al.* (2007) dan Yin *et al.* (2010) juga menduga mutasi nukleotida-nukleotida pada daerah promotor gen Mx juga berperan penting dalam transkripsi dan translasi gen Mx ayam. Daerah promotor secara umum berada pada daerah sebelum dimulainya lokus transkripsi (*transcription start site*, TSS) dan dicirikan dengan adanya sekuen yang meregulasi transkripsi gen (*transcriptional cis-regulatory sequences*) (Smale & Kadonaga 2003; Hahn 2004; Gagniuc & Ionescu-Tirgoviste 2012). Oleh karena itu mutasi pada daerah promotor diperkirakan juga berpengaruh terhadap keberhasilan dalam meningkatkan resistensi genetik ayam terhadap virus. Keragaman gen Mx antar dan antara *breed* ayam juga telah dilaporkan (Sironi *et al.* 2008, Ko *et al.* 2002, Li *et al.* 2006, Li *et al.* 2007, Yin *et al.* 2010). Yin *et al.* (2010) juga menemukan adanya pemanjangan gen Mx lebih dari 21 bp, termasuk ekson 14 dan intron 13, dan berhasil mengidentifikasi S631N and SNP-SNP baru di semua ekson gen Mx ayam. Mutasi gen Mx juga dapat digunakan untuk menjelaskan hubungan kekerabatan dan proses domestikasi ayam (Li *et al.* 2007). Mengingat adanya beberapa sistem pemuliaan ayam lokal yang diaplikasikan oleh peternak di Indonesia, oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk melakukan karakterisasi gen Mx ayam lokal Indonesia yang berbeda *breed*, populasi dan sistem pemuliaannya. Sejarah seleksi dan pembentukan *breed* ayam diperkirakan menghasilkan variasi mutasi gen Mx yang kemungkinan potensial sebagai kandidat SNPs untuk program seleksi dan pemuliaan ayam lokal di masa mendatang dan mendukung kebijakan pemerintah untuk melakukan eksplorasi sumber daya genetik (SDG) ternak (Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 48 tahun 2011 tentang SDG hewan dan perbibitan ternak).

MATERI DAN METODE

Sampel Penelitian

Sampel genom DNA yang digunakan dalam penelitian ini adalah sebagian genom DNA dari ayam yang juga digunakan pada penelitian tahap I (Tabel 2). Ayam-ayam tersebut selanjutnya dikelompokkan berdasarkan tingkat program seleksi dan pemuliaan ayam yang dilakukan oleh peternak atau *breeder* ayam, yaitu (1). liar 1 (L1) yang terdiri dari AHHm dan AHHj, (2). Liar 2 (L2) yang terdiri dari AHMj dan AHMs, (3). tidak dilakukan seleksi (*unselected chicken*, UC) yang terdiri dari ayam lokal Indonesia yang langka (BkSr, BRG, GUN dan WLK) dan ayam lokal Indonesia yang lain (KPGj dan KPGd), (4). tingkat seleksi sedang (*moderately selected chicken*, MC) yang terdiri dari ayam lokal Indonesia (ARGj, AKB, KDh, KDI, KDp, KPGb, GAG, PLG dan STL), dan (5). tingkat seleksi tinggi (*highly selected chicken*, HC) yang terdiri dari ayam lokal Indonesia (ARGb, AS dan NNK) dan ayam ras komersial (BRO dan L), ayam lokal Indonesia yang berasal dari USA (BJ dan BS), ayam petarung (BgK) dan ayam hias yang berasal dari luar negeri (KT dan SRM) (Tabel 9).

Amplifikasi Gen Mx Ayam

Sekuen DNA genom Mx gen ayam *White Leghorn* (WL, GQ390353) (Yin *et al.* 2010) digunakan sebagai sekuen referensi gen Mx ayam pada penelitian ini. Limabelas (15) pasang PCR primer yang didesain dengan menggunakan program *Primer Designing Tool* (NCBI 2013) digunakan untuk mengamplifikasi sekuen gen Mx ayam lokal Indonesia (Tabel 8). Amplifikasi gen Mx ayam dilakukan dengan menggunakan PCR ESCO Swift Maxi Thermal Cycler. Komponen PCR *mix* untuk mengamplifikasi pasangan primer pada daerah promotor dan ekson 1 (Tabel 8) terdiri dari *High-fidelity PCR Master Mix* (Thermo Scientific Phusion Flash), 100-200 ng DNA genom dan air distilata. Kondisi PCR meliputi predenaturasi pada suhu 98°C (10 detik) dan kemudian dilanjutkan dengan denaturasi pada suhu 98°C selama 1 detik, penempelen dan pemanjangan pada suhu 68°C selama 20 detik yang diulang 35 siklus. Setelah itu dilakukan pemanjangan akhir pada suhu 72°C (1 menit).

Amplifikasi pasangan primer untuk ekson 2-14 (Tabel 8) dilakukan dengan menggunakan komponen PCR *mix* yang terdiri dari *DreamTaq™ Green PCR Master Mix* (Thermo Scientific) yang terdiri dari dATP, dCTP, dGTP dan dTTP masing-masing 0,4 mM dan 4mM MgCl₂, 100-200 ng DNA genom, dan air distilata. Kondisi PCR yang digun meliputi pra denaturasi pada suhu 95°C (3 menit) diikuti dengan 35 siklus yang terdiri dari denaturasi pada suhu 95°C (30 detik), penempelan primer selama 30 detik (Tabel 8), pemanjangan pada suhu 72°C (40 detik) dan pemanjangan akhir pada suhu 72°C (5 menit). Visualisasi produk PCR dielektroforesis dengan menggunakan PAGE 6% dalam TBE1x pada 200V selama 30 menit. Hasil elektroforesis diwarnai dengan metode pewarnaan perak (Byun *et al.* 2009) yang dimodifikasi. Produk PCR selanjutnya disekuening pada kedua arah (*forward* dan *reverse*) dengan menggunakan BigDye Terminator Kit pada ABI 3730xl DNA *analyzer* (Applied Biosystems, Foster City, CA) menggunakan pasangan primer yang sama yang digunakan untuk amplifikasi gen Mx ayam (Tabel 8).

Analisis Data

Pensejajaran sekuen gen Mx ayam lokal Indonesia dengan referensi sekuen gen Mx ayam DQ788615 (Li *et al.* 2007)) dilakukan dengan menggunakan program MUSCLE (Edgar 2004) dalam MEGA versi 6 (Tamura *et al.*, 2013). Sekuen gen Mx ayam Indonesia, ayam hutan (AHM dan AHH) dan ras komersial DQ788613, DQ788614 dan DQ788616 (Li *et al.* 2007) juga dibandingkan untuk mengetahui tipe mutasi yang terjadi pada gen Mx ayam. Jumlah *diplotype* (H) dan keragaman *diplotype* (*h*) selanjutnya dihitung berdasarkan Nei (1987) dengan menggunakan program DnaSP versi 5.10.01 (Librado & Rozas 2009). Mutasi nukleotida selanjutnya digunakan sebagai metode dasar dalam memprediksi adanya SNPs..

Frekuensi *diplotype* dan perbandingan *pairwise* indeks fiksasi (F_{ST}) kelompok ayam L1, L2, UC, MC dan HC (yang dihitung dengan rumus F-Statistics dari frekuensi *diplotype* saja) dan diferensiasi allele (nilai Φ_{ST} antara semua sampel) dihitung berdasarkan jarak molekuler Tamura-Nei dengan nilai gamma 0 menggunakan program Arlequin v3.5.1.2 (Excoffier dan Lischer 2010). Analisis varian molekuler (*molecular variance analysis*, AMOVA) juga dihitung menggunakan program yang sama.

Pohon filogeni untuk menduga hubungan gen Mx antar populasi ayam dibentuk berdasarkan analisis Bayesian menggunakan program Mr. Bayes versi 3.0 (Ronquist and Huelsenbeek 2003) dengan mempertimbangkan suatu model umum (*general time reversible model*): rates=invgamma dan nst=6). Markov Chain Monte Carlo (MCMC) dioperasikan masing-masing untuk 1 juta generasi. Pohon filogeni selanjutnya dibentuk untuk setiap 500 siklus dari *iteration chain*. Titik (*node*) dengan nilai probabilitas posterior $\geq 95\%$ digunakan untuk membentuk konsensus pohon filogeni 50%. Pohon filogeni selanjutnya divisualisasikan dengan program FigTree v1.4.0 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>).

Tabel 8 Sekuen primer yang digunakan untuk mengamplifikasi gen Mx ayam pada penelitian ini

No	Lokus	Primer <i>Forward /Reverse</i> (5' – 3')	Panjang Sekuen (bp)	Suhu Annealing (°C)
1	Promotor	CCTATGGAGCAAGTTCACGGT/ATACCTGCCAGAGTCACACA	587	68
2	Ekson 1	AAAGGAAAGGGGCTGTTGCT/GGAGGTGTTCTGTCCCTTGG	602	60
3	Ekson 2	GTGACGTTGGGGGAAATGTT/GCTGCTGCCACACTGTTTATC	711	62
4	Ekson 3	GGTTGTTTGAGTCACTGAGCC/GTGCAACCTGTTGGAGTGAC	677	62
5	Ekson 4	CTGCAAGGTAAACTGGCTGG/TGCATGCTTACAGCTTGACAG	619	55
6	Ekson 5	TGCAGTTTCCACTCCAAAGGG/GCATCTGGAATGGCTCACCT	627	62
7	Ekson 6	GGAAAAGAGGCTGCACTATCCT/CTCTGCAGTTGGACTCTCGG	660	55
8	Ekson 7	GCAAAAGGTGGACCGAGAGT/ATCCAGCCTGGCCTTGAATG	536	62
9	Ekson 8	AAGCGTATGAGCCCTTCCAG/CTGCTCTTAAAAGGCAGGG	599	60
10	Ekson 9	AGAGCTGACACCTTTTGGCT/TTGTGGGCCTCTTCCAATT	509	62
11	Ekson 10	CAGACCCTCTGTCTGAGAGC/GCTGGGTCTCTGTCCCTAAG	631	62
12	Ekson 11	GGAGACAGACAGACACCACTG/TGGAGGTCACGTGCAGAGAT	635	60
13	Ekson 12	ACTCATGCACATGGACCGAG/TGGCAGCCATAACCAGGTTTT	554	62
14	Ekson 13	GTATGCACCAAGGGCCAACC/GAGCAATAGGGCTTGCCATC	511	62
15	Ekson 14	GAGAAGTTGGAAATGGCCTGC/GTTCTACAGCTGAAGGCTCCC	813	62

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan lain.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

Analisis Hubungan antara Karakteristik Gen Mx dengan Respon Kekebalan Tubuh Ayam terhadap Virus Avian Influenza (Ab AIV) dan Newcastle Diseases (Ab NDV)

Respon kekebalan tubuh terhadap virus ND (Ab NDV) dan AI (Ab AIV) diketahui bersifat menurun dari induk kepada anaknya (*heritable*) dengan nilai hertabilitas sedang (Liu *et al.* 2014). Oleh karena itu untuk mendapatkan pemahaman yang lebih baik tentang hubungan antara respon kekebalan ayam Indonesia dengan karakteristik gen Mx, maka analisis Ab NDV dan Ab AIV juga dilakukan dalam penelitian ini, khususnya pada populasi ARGb (30 ekor) yang dihasilkan dari program seleksi intensif selama lebih dari 10 tahun sebagai ayam lokal petelur (220-280 butir telur/ekor/tahun) oleh perusahaan pembibit ayam lokal di Bogor, Indonesia.

Berdasarkan genotipe gen Mx, ayam dikelompokkan menjadi 3, yaitu (1). Alel resisten homozigot A/A (n= 5), (2). Alel rentan heterozigot A/G (n= 10) dan (3). alel rentan homozigot G/G (n=15). Ayam-ayam tersebut telah divaksinasi dengan menggunakan vaksin komersial berdasarkan program vaksinasi regular untuk ayam petelur yang diterapkan oleh perusahaan pembibitan ayam, yaitu vaksin ND (MEDIVAK ND, Medion, Indonesia) pada umur 1, 2, 4, 8 dan 16 minggu. Vaksin inaktif H5N1 AIV (Medion, Indonesia) juga diterapkan pada saat ayam berumur 18 minggu dan setiap 3 minggu setelahnya. Pada saat ayam berumur 20 minggu, darah dikoleksi dan disentrifuse 1,000×g selama 10 menit. Serum selanjutnya dikoleksi dan disimpan pada suhu -20°C dan selanjutnya dilakukan analisis titer antibodinya (hemagglutination inhibition, HI) terhadap NDV dan AIV dengan menggunakan uji serologi HA/HI (MedLab Medion, Bogor, Jawa Barat). Hubungan antara tiga kelompok genotipe gen Mx (A/A, A/G and G/G) dengan nilai titer antibodi HI ayam terhadap NDV dan H5N1 AIV selanjutnya dianalisis dengan menggunakan uji hipoteis *analysis of variance* (ANOVA).

HASIL PENELITIAN

Variasi Sekuen Gen Mx Ayam

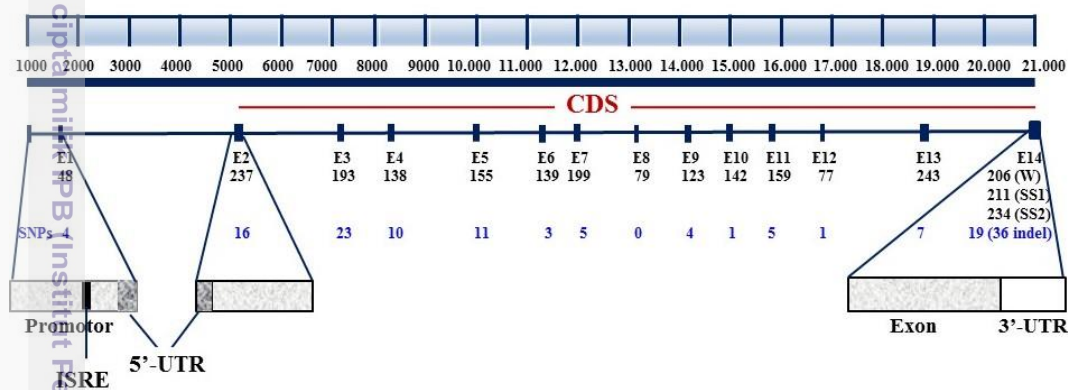
Dua ratus enam belas (216) sekuen gen Mx ayam (ayam Indonesia n=186, ayam hutan n=10, ayam ras komersial n=20, ayam dari USA n=10) yang meliputi daerah promotor, 5'UTR dan ekson (1-14) berhasil diamplifikasi pada penelitian ini (Gambar 15). Daerah yang mengkode protein gen Mx ayam (*coding region*) dimulai pada posisi 1 pada ekson 2 sampai dengan ekson 14. Panjang masing-masing ekson (dari 5'UTR ke 3'UTR) adalah 237, 193, 138, 155, 139, 199, 79, 123, 142, 159, 77, 243, and 234 bp. Pada ekson 14 gen Mx ayam juga ditemukan *frameshift mutation* yang menyebabkan panjang ekson 14 bervariasi, mulai dari 206, 211 sampai 234 bp. Panjang daerah 5'UTR adalah 140 bp tetapi terbagi menjadi 2 yaitu masing-masing 48 (ekson 1) dan 92 bp (Gambar 15) yang dipisahkan oleh insersi fragmen 664 bp. Panjang daerah promotor gen Mx ayam yang teridentifikasi adalah 215 bp (Gambar 17).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Jumlah *diplotype* (H) gen Mx per *breed* atau galur atau sub spesies dan spesies berkisar 0-21 dengan jumlah *diplotype* keseluruhan adalah 55 (Tabel 9). Kisaran keragaman *diplotype* (*h*) dan nukleotida (π) gen Mx ayam Indonesia masing-masing adalah $0.00000 \leq h \leq 1.00000$ dan $0.00000 \leq \pi \leq 0.0044$, dimana nilai *h* dan π tertinggi dimiliki oleh BkSr. Rataan *h* dan π per lokus masing-masing adalah $h = 0.97716 \pm 0,002$ dan $\pi = 0.00537 \pm 0,00130$. Analisis diferensiasi genetik Hudson (2000) menghasilkan nilai *nearest neighbor statistic* (S_{nn})=0,71416. Uji permutasi 1000x (PM test) selanjutnya menghasilkan nilai P (P-value) dari $S_{nn} = 0.0000$ *** yang mengindikasikan diferensiasi gen Mx antar *breed* atau galur atau sub spesies dan spesies ayam sangat tinggi ($P < 0.001$). Hasil uji aliran genetik ($F_{st} = 0,79293$, $N_m = 0,07$) berdasarkan Hudson *et al.* (1992) juga menunjukkan tingginya pertukaran genetik di antara populasi ayam.



Gambar 15 Struktur gen Mx ayam Indonesia. CDS: *coding sequence* E: panjang masing-masing ekson. SNPs: jumlah Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) yang ditemukan di setiap ekson. ISRE: *interferon stimulating response*. SS1: tipe mutasi *splice site* 1. SS2: tipe mutasi *splice-site* 2. W: mutasi tipe liar (*wild type*). Huruf yang berwarna biru menunjukkan jumlah SNPs yang ditemukan pada setiap ekson. Visualisasi struktur gen Mx ayam disesuaikan dengan penelitian Li *et al.* (2007).

Total situs polimorfik (*segregating sites*) yang ditemukan pada gen Mx ayam adalah 75 dari total 119 mutasi yang ditemukan. Pada penelitian ini telah ditemukan 127 SNPs pada gen Mx ayam yaitu 18, 4, 16, 23, 10, 11, 3, 5, 0, 4, 1, 5, 1, 7 dan 19 SNPs masing-masing pada daerah promotor, ekson 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 dan 14. Tujuh puluh dua (72) SNPs ditemukan pada *coding region* gen Mx ayam (Tabel 10-12), termasuk SNP pada posisi basa nukleotida ke 1892 (S631N) yang mengkode Asn (AAT) atau Ser (AGT) pada asam amino 631 (Tabel 12). Pada daerah yang mengkode protein (*coding sequence*), keragaman nukleotida (π) pada ekson 2-5 (0-626 bp) dan 12-14 (1544-2022 bp) lebih tinggi jika dibandingkan dengan keragaman nukleotida pada ekson 6-11 (765-1467 bp) (Gambar 15). Sebanyak 779 asam amino diprediksikan membentuk protein Mx ayam asli Indonesia dan ayam hutan dimana 56 asam amino diantaranya berbeda dengan asam amino ayam ras komersial WL (GQ390353; Yin *et al.* 2010) (Tabel 13 dan 14).

Tabel 9 Jumlah *diplotype*, keragaman *diplotype* dan nukleotida gen Mx ayam berdasarkan sejarah seleksi dan pembentukan *breed* atau galur ayam

Kelompok	Spesies/breed/galur ayam	Kode Ayam	Pemanfaatan	Jumlah (ekor)	S	H	<i>h</i>	π	
1	Liar 1 (L1)	Ayam hutan hijau (Madura)	AHHm	Liar	3	6	2	0.66667	0.00169
		Ayam hutan hijau (Jawa)	AHHj	Liar	3	4	2	0.66667	0.00113
2	Liar 2 (L2)	Ayam hutan merah (Jawa)	AHMj	Liar	2	0	1	0.00000	0.00000
		Ayam hutan merah (Sumatera)	AHMs	Liar	2	0	1	0.00000	0.00000
3	<i>Unselected chicken</i> (UC)	Bekisar	BkSr	Pesuar, hias	5	21	5	1.00000	0.00441
		Burgo	BRG	Hias	5	2	2	0.60000	0.00051
		Kampung 1 [∞]	KPGj	Dwiguna	10	21	5	0.80000	0.00282
		Kampung 4	KPGd	Dwiguna	10	9	5	0.88889	0.00181
		Leher gundul	GUN	Dwiguna, religi, hias	5	7	3	0.70000	0.00127
		Sumatera	SUM	Dwiguna, hias	5	1	2	0.40000	0.00017
		Walik	WLK	Dwiguna, religi, hias	10	6	4	0.80000	0.00136
4	<i>Moderately selected chicken</i> (MC)	Arab golden [∞]	ARGj	Petelur	10	15	4	0.73333	0.00267
		Cemani	CMN	Hias, religi, obat	5	5	2	0.60000	0.00127
		Gaga'	GAG	Pesuar	5	1	2	0.40000	0.00017
		Kampung 3	KPGb	Pedaging	10	18	3	0.71111	0.00377
		Kedu hitam	KDh	Petelur	6	11	3	0.33330	0.00223
		Kedu lurik	KDI	Dwiguna	5	11	3	0.80000	0.00246
		Kedu putih	KDP	Dwiguna	5	4	2	0.40000	0.00068
		Sentul	STL	Pedaging	5	13	3	0.80000	0.00263
		Kukuak Balenggek	AKB	Pesuar	5	2	2	0.40000	0.00034
		Pelung	PLG	Pesuar	10	5	2	0.35556	0.00075
5	<i>Highly selected chicken</i> (HC)	Arab golden Tiara	ARGb	Petelur	30	17	7	0.80920	0.00220
		Arab silver	AS	Petelur	5	6	3	0.80000	0.00110
		Nunukan	NNK	Pedaging	10	0	1	0.00000	0.00000
		Black java	BJ	Dwiguna	5	0	1	0.00000	0.00000
		Black sumatera	BS	Hias	5	0	1	0.00000	0.00000
		Bangkok	BGK	Petarung	5	0	1	0.00000	0.00000
		Kate	KT	Hias	5	0	1	0.00000	0.00000
		Serama	SRM	Hias	5	0	1	0.00000	0.00000
		CP707	BRO	Pedaging	10	0	1	0.00000	0.00000
		Lohman Brown [∞]	L	Petelur	10	13	4	0.90000	0.00280
				216	75	55	0.97716	0.00537	

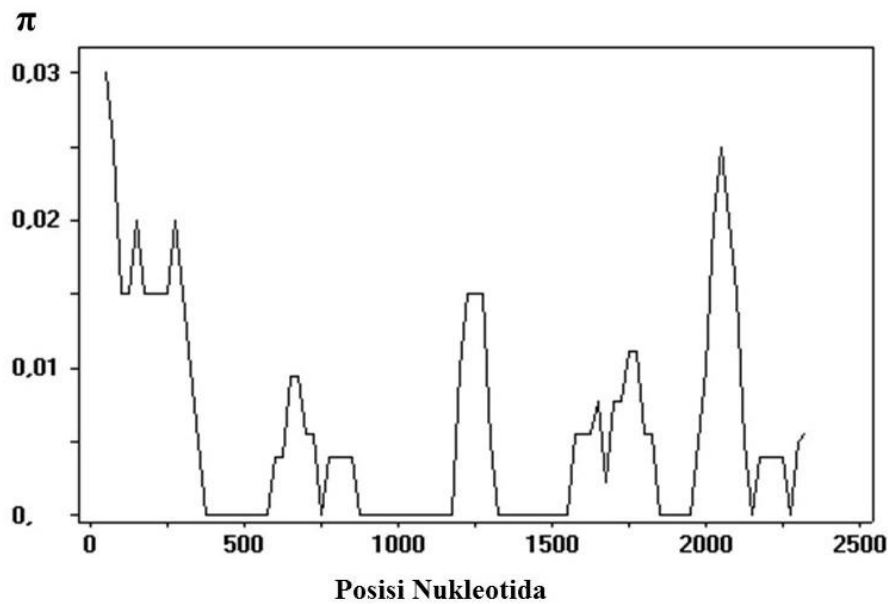
Keterangan: [∞]Berasal dari populasi yang mengalami wabah virus AI dan ND. N: jumlah sekuen yang digunakan. S: jumlah lokus yang bersegregasi. H: jumlah *diplotype* (Nei 1987). *h*: keragaman haplotype (nei 1987). π : keragaman nukleotida (Jukes dan Cantor 1969). Diferensiasi genetik diduga berdasarkan Hudson (2000), Snn (nearest neighbor statistic): 0,71416. PM test (probabilitas yang diperoleh dari uji permutasi 1000x) menghasilkan nilai P (P-value) dari Snn: 0.0000 *** (mengindikasikan diferensiasi genetik yang sangat nyata P<0.001). Aliran genetik dihitung berdasarkan Hudson *et al.* (1992). F_{ST} = 0,79293, N_m = 0,07 (mengindikasikan tingginya pertukaran genetik di antara populasi ayam).

Berdasarkan perbandingan jumlah perbedaan *pairwise* F_{ST} semua kelompok ayam (Tabel 10), sejarah seleksi dan pemuliaan ayam berpengaruh nyata ($p < 0.05$) terhadap karakteristik gen Mx ayam Indonesia. Analisis keragaman molekuler (AMOVA) sekuen gen Mx (Tabel 11) menjelaskan bahwa keragaman gen Mx di dalam populasi ayam (Φ_{ST} =0,5647) lebih tinggi jika dibandingkan dengan keragaman gen Mx di antara populasi dalam kelompok (Φ_{ST} =0.4344) dan di antara kelompok (Φ_{ST} = 0.0009).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 16 Keragaman nukleotida (π) gen Mx ayam yang ditemukan pada penelitian ini. Keragaman nukleotida (π) dihitung berdasarkan Jukes dan Cantor (1969)

Tabel 10 Rataan jumlah perbedaan *pairwise* F_{ST} sekuen gen Mx antar kelompok ayam

	n	UC	MC	L1	L2	HC
UC	45	0.95673	0.98545	1.00000	1.00000	0.99857
MC	66	0.04019	0.93380	1.00000	1.00000	0.99697
L1	6	0.18830	0.19977	0.66667	1.00000	1.00000
L2	4	0.12163	0.13310	0.26667	0.80000	1.00000
HC	90	0.05789	0.06775	0.20435	0.13768	0.92464

Rataan jumlah perbedaan *pairwise* inter-populasi (di atas diagonal). Rataan jumlah perbedaan *pairwise* intra populasi (komponen diagonal, berwarna abu-abu). Rataan jumlah terkoreksi dari perbedaan *pairwise* inter-populasi. Perhitungan berdasarkan Tamura-Nei tanpa adanya koreksi gamma (di bawah diagonal).

Tabel 11 Analisis keragaman molekuler (AMOVA) antar sekuen gen Mx ayam Indonesia berdasarkan sejarah seleksi dan pembentukan *breed* atau galur ayam

Sumber variasi	Derajat bebas	Jumlah kuadrat	Komponen variasi	Persen variasi
Di antara kelompok	4	6.518	0.00044 V_a	0.09*
Diantara populasi dalam kelompok	26	44.174	0.21664 V_b	43.44*
Di dalam populasi	174	49.00	0.28161 V_c	56.47*
Total	204	99.693	0.49869	

*Menunjukkan perbedaan yang nyata ($p < 0.05$).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Profil Daerah Promotor dan 5'UTR Gen Mx Ayam Asli Indonesia

Panjang daerah 5'UTR dan promotor yang diduga menginisiasi transkripsi gen Mx ayam Indonesia yang berhasil diamplifikasi pada penelitian ini adalah 215 bp. Delapan belas (18) dan 4 SNPs ditemukan masing-masing pada daerah promotor dan sebagian daerah 5'-UTR (ekson 1 dan ekson 2) gen Mx ayam lokal Indonesia (Gambar 15 dan 17). Sekuen konsensus umum TATA, CAAT, dan GAAA-*box* pada daerah promotor gen Mx ayam juga teridentifikasi pada penelitian ini. Sekuen TATA *box* (TATAGAAA) dan GAAA-*box* masing-masing teridentifikasi di posisi -148 dan -415 dari lokus permulaan *coding sequence* (CDS) (+1). Mutasi pada *interferon stimulating response* (ISRE1; AGGAGAAAYGAAACTA) dan ISRE-like (ISRE2, GAAAGGAAARGGG) juga ditemukan pada posisi -281 (T→C) dan -420 (A→G) dari lokus permulaan CDS (Gambar 17).

Profil Ekson 14 Gen Mx Ayam Asli Indonesia

Tipe Mutasi Nukleotida pada Ekson 14 gen Mx Ayam Asli Indonesia

Penelitian ini berhasil mendeteksi 3 tipe mutasi nukleotida gen Mx ayam Indonesia dan ayam hutan, yaitu (1). Tipe mutasi liar (*wild type*, W), (2). Mutasi *splice site* tipe 1 (1st *splice site mutation*, SS1) dan (3). Mutasi *splice site* tipe 2 (2nd *splice site mutation*, SS2) (Gambar 18) yang menyebabkan terjadinya mutasi *frameshift* sehingga terjadi perbedaan panjang sekuen ekson 14 gen Mx ayam, masing-masing 206, 211 dan 234 bp (Gambar 15). Mutasi SS dimulai pada posisi 2352 sampai dengan 2382 pada ekson 4 gen Mx (Tabel 12). Tiga (3) dan tiga puluh dua (32) basa nukleotida hilang dari ekson 14 gen Mx masing-masing pada mutan SS1 dan mutan W, menghasilkan hilangnya satu (1) dan delapan (8) asam amino pada ekson 14 gen Mx (Gambar 19). Sebagian ayam yang berada pada kelompok UC dan MC mempunyai tipe mutasi SS2. Ayam hutan hijau (AHHj dan AHHm), AHMj dan AHMs juga mempunyai tipe mutasi SS2.

Penelitian ini juga berhasil mendeteksi posisi SNPs S631N pada posisi 1892 sehingga ditemukan alel resisten A/A dan alel rentan heterozigot A/G dan alel rentan homozigot G/G gen Mx ayam Indonesia (Gambar 20).

Ayam Indonesia pada kelompok UC dan MC mempunyai frekuensi alel resisten A/A tertinggi (100%) diantara ayam-ayam yang lain pada kelompok L1, L2 dan HC (Tabel 12). Alel rentan heterozigot (A/G) hanya ditemukan pada KPGj (30%), AKB (20%), ARGb (34%), AS (80%) NNK (50%) dan BRO (10%). Namun demikian, alel resisten A/A tidak ditemukan pada KPGb dan NNK. Sedangkan alel rentan homozigot (G/G) tertinggi (100%) ditunjukkan oleh BJ, BS, L, KPGb, AHHj, AHHm, AHMj dan AHMs. Ayam Indonesia yang lain (ARGb, ARGj, AS, KPGb, KPGd dan NNK) juga mempunyai alel rentan homozigot (G/G) (Tabel 17). Sebagian besar ayam lokal Indonesia pada kelompok UC dan MC dan semua ayam hutan pada kelompok L1 dan L2 mempunyai tipe mutasi SS1 dan SS2. Sedangkan semua ayam pada kelompok HC (kecuali AS) mempunyai tipe mutasi W.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

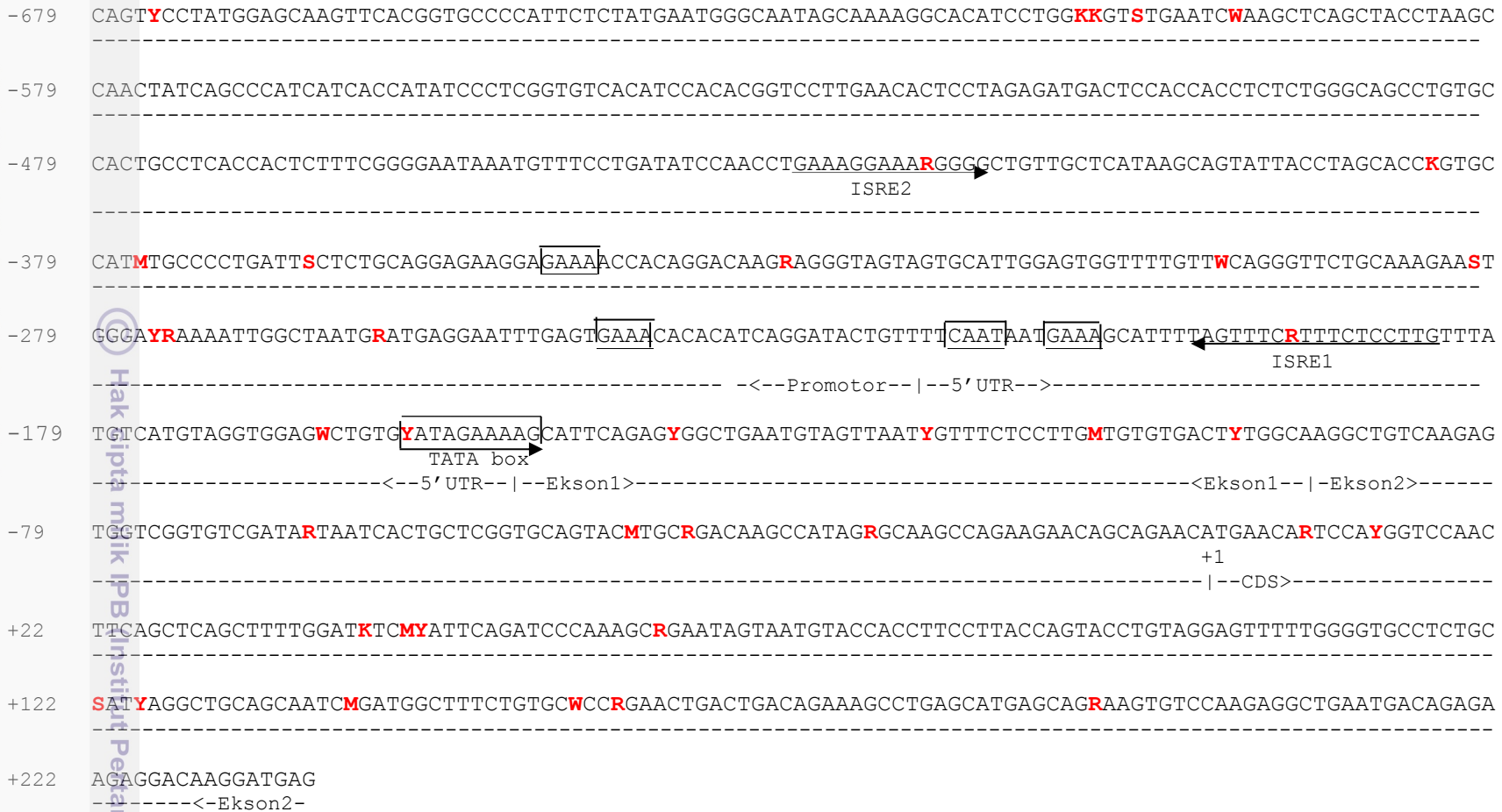
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



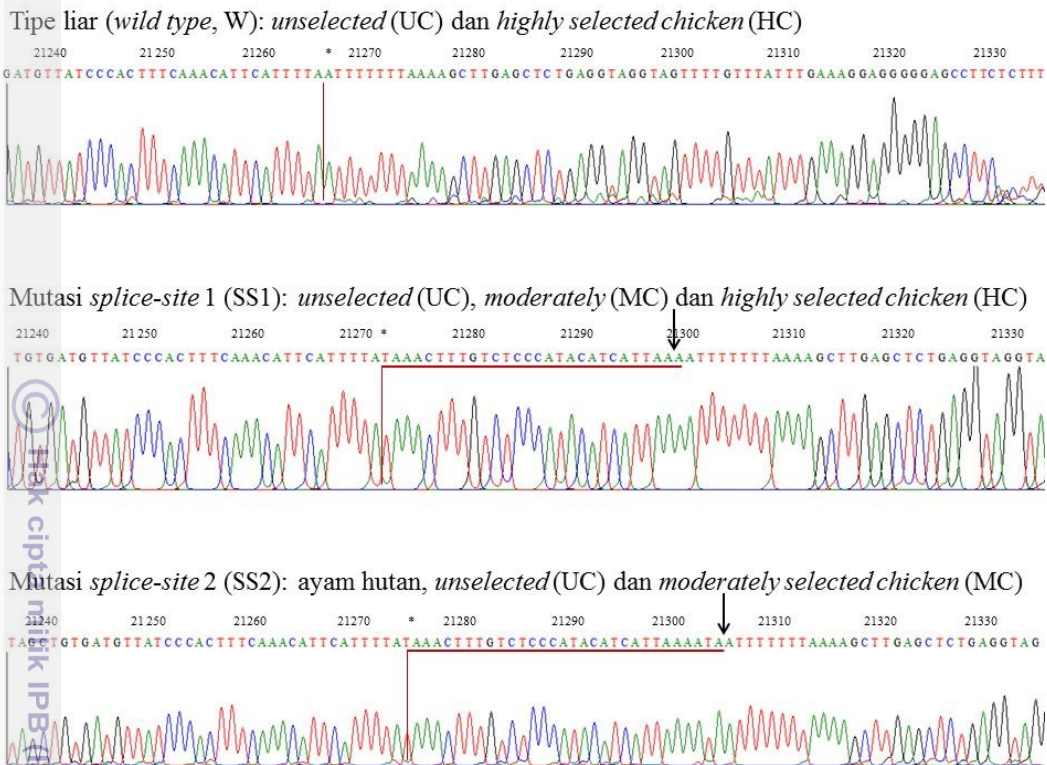
- 1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan lain.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
- 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

Hak Cipta Diindungi Undang-Undang

Hak Cipta milik IPB Institut Pertanian Bogor



Gambar 1. Profil sekuen daerah promotor, 5'UTR, ekson 1 dan ekson 2 gen Mx ayam asli Indonesia. Tanda +1 menunjukkan awal dari coding start site (CDS). Adanya SNPs ditunjukkan dengan huruf yang berwarna merah.



Gambar 18 Tipe mutasi *splice-site* (SS) yang ditemukan pada ekson 14 gen Mx ayam yang menyebabkan perbedaan panjang ekson (*frameshift* mutation): (1). Tipe liar (*wild type*, W) dengan panjang ekson 206 bp yang ditemukan pada *breed* ayam Indonesia yang tidak mengalami seleksi (*unselected chicken*, UC) dan tingkat seleksi tinggi (*highly selected chicken*, HC), (2). Mutasi SS1 dengan panjang ekson 211 bp yang ditemukan pada kelompok ayam UC, MC dan HC, dan (3). Mutasi SS2 dengan panjang ekson 234 bp yang ditemukan pada kelompok AHH (L1), AHMj dan AHMs (L2), kelompok UC dan MC. Mutan SS1 dan W masing-masing kehilangan tiga (3) dan tiga puluh dua (32) basa nukleotida pada ekson 14 gen Mxnya.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Kelompok	Spesies/Breed	Asam Amino										
		7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	
		7	7	8	8	8	8	8	9	9	9	
		3	4	4	6	7	8	9	0	1	2	4
HC	GQ390353*	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	ARGb12	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	ARGb18	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	ARGb132	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	AS1	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	BgK8	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	BJ1	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	BRO10	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	BS251	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	KT26	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
MC	L25†	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	NNK405	?	-	?	-	-	-	-	-	-	-	-
	ARGj1†	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	ARGj6†	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	AKB103	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	CMN777	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	GAG130	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	KDh802	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	KDp905	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	KPGb455	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
UC	KPGd41	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	PLG456	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	STL300	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	BkSr3 [∞]	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	BkSr449 [∞]	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	BRG018 [∞]	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	GUN15 [∞]	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	KPGj1†	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	-
	KPGj3†	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	WLK28 [∞]	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
L	AHH18	D	K	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	AHH703	D	K	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	AHMj759	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N
	AHM709	?	-	L	T	L	S	P	M	H	H	N

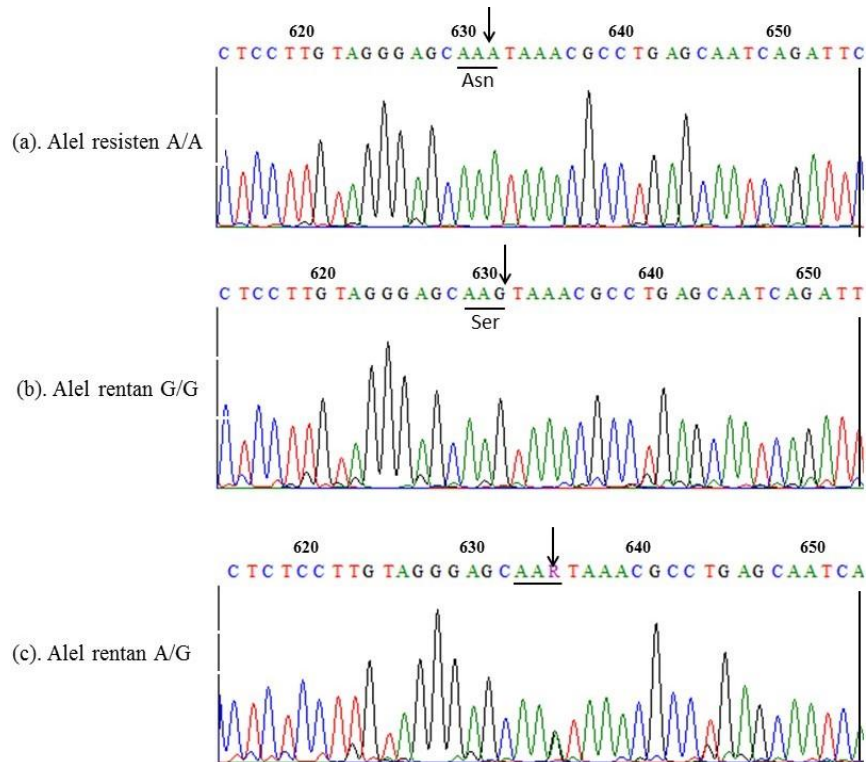
Gambar 19 Runutan asam amino yang dihasilkan dari mutasi tipe *splice site* (SS) dan tipe liar (*wild type*, W) gen Mx ayam yang digunakan pada penelitian ini. Tipe W dan mutan SS1 masing-masing kehilangan delapan (8) dan satu (1) asam amino dibandingkan dengan mutan SS2. †Breed ayam yang mempunyai latarbelakang wabah penyakit *Avian Influenza* (AI) dan *Newcastle Disease* (ND). [∞]Ayam asli Indonesia yang langka.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Gambar 20 *Single nucleotide polymorphism* (SNP) pada posisi basa nukleotida ke 1892 bp (S631N) gen Mx ayam yang ditemukan pada penelitian ini, alel resisten (A/A) dan alel rentan (A/G dan G/G). Tanda anak panah menunjukkan basa nukleotida yang mengkode Asn (AAT) atau Ser (AGT) pada asam amino ke 631.

Hubungan antara Karakteristik Gen Mx dengan Respon Kekebalan Tubuh Ayam terhadap Virus Avian Influenza (AIV) dan Newcastle Diseases (NDV)

Rataan titer antibodi ayam (ARGb) terhadap NDV pada kelompok alel resisten A/A lebih rendah ($p < 0.05$) jika dibandingkan dengan kelompok alel rentan A/G dan G/G (Tabel 13). Kelompok alel resisten A/A juga memiliki rata-rata titer antibodi terhadap H5N1 AIV yang lebih rendah ($p < 0.05$) jika dibandingkan dengan kelompok rentan homozigot G/G, namun demikian lebih tinggi jika dibandingkan dengan kelompok rentan yang heterozigot A/G.

Tabel 12 Frekuensi alel A dan G pada posisi nukleotida ke 1892 bp (S631N) dan mutasi *splice-site* (SS) pada gen Mx ayam

No	Kelp	Sampel	N	S631N Genotype/Frekuensi (N/%)			Wild Type	Splice Site/ Frekuensi (N/%)	
				A/A	A/G	G/G		SS1	SS2
1	L1	AHHm	3	-	-	3 (100)	-	-	3 (100)
		AHHj	3	-	-	3 (100)	-	-	3 (100)
2	L2	AHMj	2	-	-	2 (100)	-	-	2 (100)
		AHM _s	2	-	-	2 (100)	-	-	2 (100)
3	UC	BkSr	5	3 (60)	-	2 (40)	-	2 (40)	3 (60)
		BRG	5	3 (60)	-	2 (40)	-	1 (20)	4 (80)
		GUN	5	5 (100)	-	-	-	5 (100)	-
		KPGj*	10	7 (70)	3 (30)	-	-	7 (70)	3 (30)
		KPGd	10	10 (100)	-	-	1 (10)	5(50)	4 (40)
		SUM	5	5 (100)	-	-	-	5 (100)	-
		WLK	10	10 (100)	-	-	-	-	10 (100)
		AKB	5	4 (80)	1 (20)	-	-	2 (40)	3 (60)
		ARGj*	10	5 (50)	-	5 (50)	-	-	10 (100)
		CMN	5	5 (100)	-	-	-	-	5 (100)
4	MC	GAG	5	5 (100)	-	-	-	-	5 (100)
		KPGb	10	-	-	10 (100)	10 (100)	2 (20)	8 (80)
		KDh	6	6 (100)	-	-	-	-	6 (100)
		KDI	5	3 (60)	2 (40)	-	-	-	5 (100)
		KDp	5	5 (100)	-	-	-	-	5 (100)
		STL	5	5 (100)	-	-	-	4 (80)	1 (20)
		PLG	10	10 (100)	-	-	-	-	10 (100)
		ARGb	30	5 (16)	10 (34)	15 (50)	15 (50)	15 (50)	-
		AS	5	4 (80)	1 (20)	-	-	4 (80)	1 (20)
		NNK	10	-	5 (50)	5 (50)	10 (100)	-	-
5	HC	BJ	5	-	-	5 (100)	5 (100)	-	-
		BS	5	-	-	5 (100)	5 (100)	-	-
		BgK	5	5 (100)	-	-	5 (100)	-	-
		KT	5	5 (100)	-	-	5 (100)	-	-
		SRM	5	5 (100)	-	-	5 (100)	-	-
		BRO	10	-	1 (10)	9 (90)	8 (80)	2 (20)	-
		L	10	-	-	10 (100)	10 (100)	-	-
					216				

*Berasal dari populasi dengan latarbelakang wabah penyakit Avian Influenza (AI) dan Newcastle Disease (ND).

Tabel 13 Rataan dan standar deviasi titer antibodi HI terhadap *boosting* vaksinasi NDV dan H5N1 AIV pada ayam arab *golden* (ARGb) umur 20 minggu yang memiliki alel resisten (A/A) dan rentan (A/G dan G/G) pada gen Mx nya.

Genotype	n	Titer Antibodi (log ²)	
		ND	AI
A/A	5	3,60 ± 1,52 ^b	7,00 ± 2,91 ^{ab}
A/G	10	5,10 ± 2,42 ^{ab}	6,00 ± 2,83 ^{ab}
G/G	15	8,13 ± 3,02 ^a	7,80 ± 2,98 ^{ab}

^{a, b} Superskrip yang disertai huruf yang berbeda pada baris yang sama menunjukkan perbedaan yang nyata (p<0.05).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor) Bogor Agricultural University

Pohon Filogeni dan Struktur Populasi Ayam berdasarkan Keragaman Gen Mx

Rataan kecepatan substitusi nukleotida yang ditemukan pada gen Mx ayam berdasarkan analisis MCMC ditampilkan pada Tabel 14. Substitusi nukleotida A<->C (8.526480e-002) merupakan substitusi nukleotida paling lambat yang ditemukan pada sekuen gen Mx ayam. Sedangkan kecepatan substitusi nukleotida yang paling tinggi ditunjukkan oleh (C<->T) (3.823980e-001) dan diikuti oleh A<->G (3.616363e-001). Pohon filogeni yang terbentuk berdasarkan panjang cabang (*branch length*) yang diperkirakan berdasarkan Markov Chain Monte Carlo (MCMC) 95% ditampilkan pada Gambar 21. *Haplogroup* gen Mx ayam lokal Indonesia (*haplogroup* III) secara jelas terpisah dengan *haplogroup* gen Mx AHH (L1) (*haplogroup* I) dan ayam ras komersial (*haplogroup* II). *Haplogroup* I terdiri dari 2 sub *haplogroup* yaitu AHHm dan AHHj yang masing-masing terpisah 100%. *Haplogroup* II didominasi oleh ayam-ayam yang dihasilkan dari program seleksi yang intensif (HC), sedangkan *haplogroup* III didominasi oleh ayam-ayam yang masuk dalam kategori UC dan MD. Oleh karena itu struktur populasi ayam lokal Indonesia berdasarkan keragaman gen Mx dapat dibedakan menjadi 2 yaitu *haplogroup* II dan III. Pada *haplogroup* II, struktur populasi ayam terdiri dari 3 sub *haplogroup*, yaitu (1). A (ARGb, KT dan BRO), (2). B (BS dan BJ), dan (3). C (BgK, L, SRM, WL GQ390353, RIR DQ78616 dan WLK). Struktur populasi ayam pada *haplogroup* III terdiri dari 7 sub *haplogroup*, yaitu (1). D (ARGb, ARS, GUN, KPGd, KPGj, NNK dan STL), (2). E (BkSr dan KPGj), (3). F (KPGj dan KPGb), (4). G (AKB, BRG, dan SUM), (5). H (AHMs dan AHMj), (6). I (BkSr, KDI dan KPGj), (7). J (CMN, GAG, KDh, KDp, PLG dan WLK).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Tabel 14. Kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen gen Mx ayam berdasarkan perkiraan Marcov Chain Monte Carlo (MCMC)

Parameter	Rataan	Varian	95% HPD Interval		Median	minESS	avgESS	PSRF
			Lower	Upper				
TL	8.464663e+000	8.611860e-001	6.668366e+000	1.022802e+001	8.431938e+000	1.025800e+003	1.074903e+003	1.000039e+000
r(A<->C)	8.526480e-002	8.356434e-004	3.250982e-002	1.407146e-001	8.260073e-002	8.407763e+002	8.469012e+002	9.997114e-001
r(A<->G)	3.616363e-001	2.698517e-003	2.561833e-001	4.591454e-001	3.611716e-001	6.195097e+002	6.561845e+002	9.996986e-001
r(A<->T)	6.066819e-002	5.453166e-004	1.973576e-002	1.061225e-001	5.820712e-002	5.446793e+002	7.104835e+002	1.000108e+000
r(C<->G)	6.468249e-002	7.351323e-004	1.491669e-002	1.154481e-001	6.105100e-002	4.149561e+002	6.144624e+002	9.996775e-001
r(C<->T)	3.823980e-001	3.308999e-003	2.724661e-001	4.976020e-001	3.820944e-001	4.426823e+002	5.678326e+002	9.998000e-001
r(G<->T)	4.535019e-002	4.678791e-004	6.193819e-003	8.594212e-002	4.188586e-002	7.489638e+002	8.379658e+002	9.996670e-001
π (A)	3.091747e-001	1.132238e-004	2.895701e-001	3.310888e-001	3.091171e-001	1.049259e+003	1.062476e+003	9.997070e-001
π (C)	2.163684e-001	9.272665e-005	1.981908e-001	2.355382e-001	2.164348e-001	1.078112e+003	1.108205e+003	9.996680e-001
π (G)	2.077944e-001	8.992227e-005	1.895159e-001	2.262487e-001	2.079030e-001	9.966145e+002	1.041492e+003	9.997541e-001
π (T)	2.666624e-001	1.060162e-004	2.481507e-001	2.879501e-001	2.665359e-001	7.026314e+002	9.138991e+002	9.999265e-001
alpha	6.053312e-002	2.968695e-005	5.575691e-002	6.570605e-002	6.032115e-002	8.367286e+002	1.140060e+003	9.999193e-001
pinvar	9.289573e-001	9.062797e-005	9.109020e-001	9.475831e-001	9.293588e-001	9.162621e+002	9.764997e+002	9.997224e-001

TL: total panjang pohon. r: kecepatan substitusi nukleotida yang *reversible*. π : frekuensi nukleotida. Alpha: distribusi gamma dari variasi lokus. Pinvar: proporsi lokus monomorfik. PSRF: *Potential Scale Reduction Factor*, nilai yang akurat adalah mendekati 1.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, pe
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

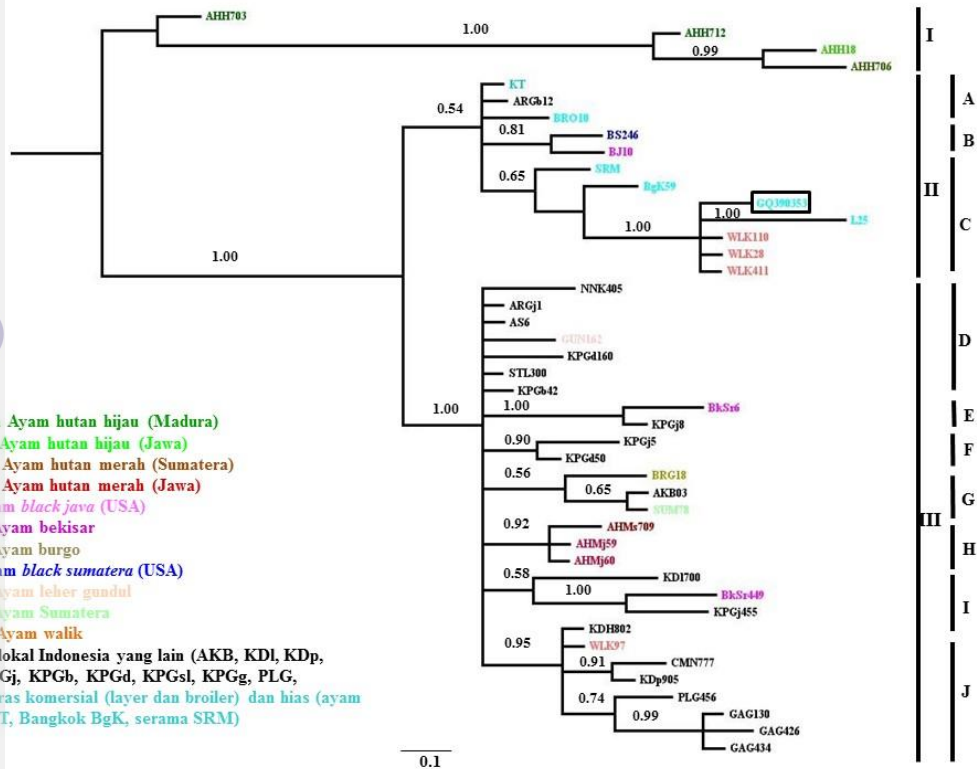
Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang Institut Pertanian Bogor

Eggplant Agricultural



Gambar 21 Pohon filogeni dan struktur populasi ayam Indonesia dan ayam hutan berdasarkan keragaman genetik gen Mx yang dianalisis berdasarkan pendugaan Bayesian (Ronquist and Huelsenbeek 2003). Ayam Indonesia pada *diplogroup* II dan III secara jelas terpisah dengan *diplogroup* I (AHHm dan AHHj). *Diplogroup* II didominasi oleh ayam-ayam yang masuk pada kelompok *highly selected chicken* (HC), sedangkan *diplogroup* III didominasi oleh ayam-ayam pada kelompok Liar 2 (L2), *unselected chicken* (UC) dan *moderately selected chicken* (MD). Angka yang mengikuti kode nama spesies/sub spesies/breed ayam menunjukkan nomor sampel ayam.

PEMBAHASAN

Variasi Gen Mx Ayam berdasarkan Sejarah Seleksi dan Pembentukan *Breed* atau Galur Ayam

Variasi gen Mx pada ayam Indonesia berdasarkan sejarah program seleksi dan pembentukan *breed* ayam (Tabel 9-14) memberikan pemahaman yang lebih luas tentang keragaman genetik dan sejarah evolusi gen Mx ayam. Panjang daerah promotor gen Mx ayam Indonesia yang diduga pada penelitian ini adalah 215 bp seperti halnya panjang daerah promotor gen Mx ayam dari Cina DQ788614 (Li *et al.* 2007) dan ayam ras komersial DQ788613, DQ788615, DQ788616 (Li *et al.* 2007), GQ390353 (Yin *et al.* 2010) dan Z23167 (Schumacher *et al.* 1994).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Pada penelitian ini telah ditemukan 127 SNPs pada gen Mx ayam yaitu 18, 4, 16, 23, 10, 11, 3, 5, 0, 4, 1, 5, 1, 7 dan 19 SNPs masing-masing pada daerah promotor, ekson 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 dan 14 (Gambar 15). Daerah promotor, ekson 2, 3 dan 14 memiliki keragaman nukleotida yang lebih tinggi dibandingkan dengan ekson yang lain dari gen Mx ayam. Li *et al.* (2007) juga menemukan 6 SNPs di daerah promotor gen Mx dan 1 mutasi G>A pada daerah *IFN-stimulated response element*. Pada penelitian ini, ditemukan 18 SNPs dan 6 mutasi G>A dan juga mutasi-mutasi nukleotida yang lain pada daerah promotor gen Mx ayam Indonesia (asli dan lokal) (Gambar 17). Menurut Li *et al.* (2007) tingginya keragaman nukleotida pada daerah promotor gen Mx ayam diduga dapat menjaga keseimbangan dan menjaga keragaman genetik pada *coding region* yang bermanfaat bagi ayam terkait kelenturan genetik ayam dalam beradaptasi terhadap serangan patogen dan gen-gen yang berasosiasi dengan daya tahan tubuh terhadap serangan patogen.

Pada penelitian ini, mutasi yang ditemukan pada TATA box (T→C; YATAGAAA) pada daerah promotor gen Mx ayam asli Indonesia (Gambar 17) yang tidak ditemukan pada penelitian terdahulu (Li *et al.* 2007, Yin *et al.* 2010) diduga dapat mempengaruhi peran penting TATA box dalam transkripsi. Kim & Iyer (2004) telah menduga peran penting TATA *box* dalam menentukan tingkat ekspresi yang berhubungan dengan sifat alami dari promoter baik sebagai tipe aktivator atau tipe penghambat yang kemungkinan menyebabkan perubahan-perubahan dalam transkripsi. TATA *box* juga diketahui mengikat RNA polymerase II dan faktor-faktor transkripsi untuk membentuk kompleks awal inisiasi. Kasai *et al.* (1992) juga mengemukakan peran penting sekuen TATAGAAA dalam meregulasi promotor adenovirus Iva2 manusia (Kasai *et al.* 1992). Namun demikian, fungsi sekuen TATAGAAA pada promotor ayam belum diketahui (Li *et al.* 2007) sehingga masih perlu kajian lebih lanjut.

Gambar 17 juga menunjukkan bahwa CAAT *box* berada di antara GAAA *box* dan diikuti oleh ISRE yang merupakan sekuen *consensus* yang ditemukan pada daerah promotor seperti yang juga ditemukan oleh Li *et al.* (2007) dan Yin *et al.* (2010). Namun demikian, substitusi nukleotida yang terjadi pada sekuen ISRE1 (T→C, AGGAGAAAYGAACTA) dan ISRE2 (G→A, GAAAGGAAARGGG) pada daerah promotor gen Mx ayam lokal Indonesia (Gambar 16) juga diduga mempengaruhi fungsi ISRE. Sekuen ISRE1 pada gen Mx2 tikus (Hug *et al.* 1998, Asano *et al.* 2003) sudah dilaporkan *conserved* and berperan penting dalam regulasi ekspresi gen yang diinduksi oleh interferon (IFN-inducible genes) pada mamalia (Hug *et al.* 1988, Schumacher *et al.* 1994, Asano *et al.* 2003) dan burung (Schumacher *et al.* 1994). Namun demikian, Li *et al.* (2007) yang juga menemukan adanya ISRE2 pada ayam Cina, mengemukakan bahwa fungsi sekuen ISRE2 pada ayam belum diketahui fungsinya. Namun demikian, Ronni *et al.* (1998), mengemukakan bahwa ISRE2 pada manusia diduga tidak berfungsi.

Hasil penelitian ini juga mendukung Li *et al.* (2006), Yin *et al.* (2010) dan Wang *et al.* (2012) yang juga telah menemukan SNP-SNP baru pada gen Mx pada berbagai *breed* dan populasi ayam yang kemungkinan berpengaruh terhadap aktifitas antivirus gen Mx ayam. Dengan membandingkan sekuen gen Mx ayam ras komersial (RIR dan WL) dan ayam hias (silkie) dengan ayam hutan merah, Li *et al.* (2007) menemukan 237 lokus mutasi pada gen Mx ayam tersebut. Pada

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

penelitian ini, ditemukan 119 situs mutasi dimana 75 diantaranya merupakan situs polimorfik nukleotida tunggal. Sejarah pembentukan *breed* dan latar belakang wabah penyakit viral seperti ND dan AI juga diperkirakan mempengaruhi variasi sekuen gen Mx ayam lokal Indonesia dan aktifitas antivirusnya. Tabel 9 menunjukkan tingginya keragaman gen Mx ayam Indonesia. Ayam asli Indonesia yang langka (BkSr, BRG, GUN, SUM dan WLK) yang sebagian besar berada pada kategori UC memiliki keragaman gen Mx yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam Indonesia lainnya dan juga ayam ras komersial (BRO dan L) dan ayam hias dan petarung (BgK, KT dan SRM). Ayam kampung yang berasal dari populasi yang mempunyai latar belakang wabah AI dan ND (KPGj) pada kelompok UC memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi ($\pi=0.00282$) jika dibandingkan dengan populasi ayam kampung yang tidak mengalami wabah penyakit AI dan ND (KPGd, $\pi=0.00181$) (Tabel 9.). Tingginya keragaman genetik ayam sangat penting bagi proses adaptasi ayam terhadap sistem produksi, serangan penyakit dan kondisi lingkungan tropis di Indonesia. Menurut Sponenberg *et al.* (2014) rendahnya keragaman genetik menunjukkan tingginya keseragamannya (*uniformity*) yang akan menyulitkan bagi individu ternak untuk beradaptasi dengan lingkungan karena populasi yang seragam kemungkinan kehilangan penanda genetik untuk beradaptasi dengan lebih baik terhadap tekanan-tekanan lingkungan yang baru.

Ayam asli Indonesia, ayam ras komersial dan ayam hias secara spesifik mempunyai kesamaan asam amino penyusun gen Mx pada posisi ke 21, 41, 42, 81, 110 dan 728 (Tabel 13 dan 14). Sedangkan substitusi *nonsynonymous* pada posisi ke 174, 182, 188, 308, 316, 522 dan 737 merupakan asam amino penciri yang hanya dimiliki oleh ayam asli Indonesia. Namun demikian, sekuen gen Mx WLK mengalami substitusi asam amino W>Q pada posisi ke 491 dan kehilangan 1 asam amino (Meth) pada posisi ke 737. Penelitian ini juga menemukan insersi 1 asam amino (K) pada posisi asam amino ke 712 dari gen Mx GUN. Substitusi 1 asam amino juga hanya ditemukan pada posisi asam amino ke 535 gen Mx PLg.

Substitusi asam amino pada posisi 14, 15, 47, 65, 82, 91, 109, 339, 416 dan 473, insersi 6 asam amino pada posisi ke 496, 535, 548, 668, 680, 688, 773 dan 774 merupakan penciri sekuen gen Mx AHH yang membedakannya dengan ayam lokal Indonesia dan ayam domestik yang lain. Delesi 2 asam amino pada posisi 535 dan 548. kemungkinan dapat digunakan sebagai penanda (marker) genetik untuk membedakan AHHj dan AHHm. Ayam hutan hijau (AHH) juga mempunyai asam amino yang sama dengan AHM pada posisi 416 dan 473 bp yang membedakannya dengan ayam Indonesia.

Evolusi Ekson 14 Gen Mx Ayam berdasarkan Sejarah Seleksi dan Pembentukan *Breed* atau Galur Ayam

Pada penelitian ini, lokus mutasi S631N yang diduga memiliki aktifitas antiviral seperti yang dilaporkan oleh Ko *et al.* (2002) juga ditemukan pada posisi 1892 bp atau asam amino pada posisi ke 631 pada gen Mx ayam Indonesia (Tabel 12 dan 14). Semua sampel AHH dan AHM yang digunakan pada penelitian ini hanya memiliki alel rentan homozigot (G/G) (Tabel 12). Hal ini sesuai dengan penelitian Seyama *et al.* (2006) yang juga menemukan bahwa AHM dan AHH dari Indonesia tidak memiliki tipe alel resisten. Namun demikian, sampel AHM dari

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Laos (Seyama *et al.* 2006) dan AHM dari Cina (Quan *et al.* 2010) memiliki frekuensi alel resisten A/A yang tinggi seperti halnya WL dan RIR (Seyama *et al.* 2006) dan ayam lokal dari Cina (Quan *et al.* 2010). Li *et al.* (2007) juga menemukan bahwa frekuensi alel resisten A/A dari ayam Cina secara nyata berbeda dengan ayam-ayam ras komersial seperti WL dan RIR. Penelitian ini menduga bahwa Ser pada posisi 631 yang ditunjukkan oleh AHM dan AHH merupakan karakteristik gen Mx dari nenek moyang ayam lokal Indonesia. Proses domestikasi dan program seleksi ayam kemungkinan menyebabkan meningkatnya keragaman gen Mx ayam lokal Indonesia seperti yang ditemukan pada penelitian ini (Tabel 9) yang kemungkinan juga berpengaruh terhadap kemampuan antiviral gen Mx ayam. Bazzigher *et al.* (1993) juga melaporkan bahwa itik liar tidak mampu menghambat multiplikasi virus AI dan VSV karena memiliki Ser pada posisi asam amino ke 631 pada gen Mxnya.

Inseri 5 nukleotida (ATAAA) pada posisi 2318-2322 bp gen Mx AHH juga diduga merupakan sekuen spesifik yang hanya ditemukan pada AHH (Tabel 14) yang mengindikasikan perbedaannya dengan AHM, ayam Indonesia dan ayam ras komersial. Pada ekson 14 juga ditemukan 31 bp indels yang menyebabkan adanya tiga tipe mutasi nukleotida, yaitu tipe W, SS1 dan SS2 (Gambar 18). Secara umum, *breed* ayam asli Indonesia yang langka dan ayam lokal Indonesia lainnya memiliki tipe mutasi SS1 dan SS2. Ayam ras komersial, ayam hias dan ayam petarung memiliki tipe mutasi W. Sedangkan ayam hutan, baik AHH maupun AHM memiliki tipe mutasi SS2. Inseri 31 bp pada akhir ekson 14 gen Mx merupakan karakteristik penciri gen Mx AHH dan AHM yang juga dimiliki oleh sebagian besar ayam Indonesia (Gambar 19). Oleh karena itu penelitian ini menduga adanya hubungan kedekatan antara AHH atau AHM dengan ayam Indonesia seperti yang disimpulkan dalam penelitian tahap pertama yang menggunakan marker mtDNA D-loop dalam determinasi struktur populasi ayam Indonesia. Penelitian ini juga menduga bahwa setelah proses domestikasi dan seleksi yang dialami ayam, gen Mx ayam mengalami perubahan (evolusi) sehingga keragaman nukleotida gen Mx ayam Indonesia lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam hutan dan ditemukan beberapa tipe mutasi pada gen Mx ayam Indonesia (W, mutan SS1 dan SS2). Namun demikian, hasil penelitian ini berbeda dengan penelitian sebelumnya yang menemukan bahwa AHM dari Indonesia dan dari Laos (Seyama *et al.* 2006), AHM dari Cina Li *et al.* (2007) dan AHH dari Indonesia (Seyama *et al.* 2006) memiliki tipe mutasi W pada ekson 14 gen Mxnya. Penelitian ini menduga adanya perbedaan derajat kemurnian genetik ayam hutan yang digunakan dalam penelitian ini dengan penelitian sebelumnya.

Penelitian ini juga menduga pentingnya peranan mutasi *non-sense* dan SS dari gen Mx dalam hubungannya dengan kemampuan alel resisten A/A untuk memberikan respon terhadap infeksi virus. Dua (2) SS mutan yang dimulai pada posisi 1269 pada ekson 14 gen Mx ayam terdeteksi pada penelitian ini, yaitu mutan SS1 dan SS2 (Gambar 18). Tiga (3) dan tiga puluh satu (31) basa nukleotida hilang dari ekson 14 gen Mx masing-masing pada mutan SS1 dan tipe liar (W) menghasilkan hilangnya satu (1) dan delapan (8) asam amino pada ekson 14 gen Mx (Gambar 19). Secara umum, *breed* ayam Indonesia yang langka dan ayam Indonesia lainnya memiliki tipe mutasi SS1 dan SS2. Namun demikian, *breed* ayam Indonesia yang berada pada kelompok HC yang terbentuk dari proses seleksi

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

intensif dan mendapatkan program vaksinasi regular (ARGb, AS dan NNK) memiliki tipe mutasi W sama dengan ayam yang berasal dari luar negeri yang juga dibentuk dari proses seleksi dan pemuliaan secara intensif (BJ, BgK, BRO, BS, KT, L, SRM dan WL Semua sampel BS dan BJ yang berasal dari USA yang digunakan pada penelitian ini juga hanya memiliki mutasi tipe W. Hasil penelitian ini menjelaskan perbedaan antara BS dengan SUM (pada kelompok UC) yang memiliki tipe mutasi SS1. Penelitian ini juga menjelaskan perbedaan antara BJ dari populasi USA dengan KDh dari Jawa Tengah (pada kelompok MC) yang memiliki tipe mutasi SS2. Hasil penelitian ini juga didukung oleh hasil analisis struktur populasi ayam Indonesia berdasarkan sekuen mtDNA D-loop (Gambar 12) dan sekuen gen Mx (Gambar 21) yang menjelaskan perbedaan distribusi BJ dan BS yang terpisah dari SUM dan KDh serta ayam Indonesia yang lain. Tabel 16 juga menunjukkan perbedaan yang nyata ($p < 0.05$) baik diantara kelompok, diantara populasi dalam kelompok maupun di dalam populasi ayam dari kelompok L1, L2, UC, MC dan HC.

Mutasi SS dapat berupa insersi (penambahan satu atau lebih nukleotida) dan delesi (pengurangan satu atau lebih basa nukleotida) pada posisi lokus spesifik SS yang menyebabkan perbedaan jumlah basa nukleotida pada lokus spesifik tersebut (Cartegni *et al.* 2002; Freeland 2005). Mutasi SS dapat menurunkan kemampuan pengenalan intron sehingga menghambat *splicing* intron selama proses perubahan precursor mRNA menjadi mRNA yang matang (Talerico dan Berget 1990; Cartegni *et al.* 2002). Jika terjadi mutasi SS, transkripsi mRNA akan memberikan informasi tentang adanya intron (yang secara normal seharusnya tidak terlibat dalam proses transkripsi) sehingga terjadi salah pengulangan dan penempelan (*wrong repeat*) (Freeland 2005). Jika insersi dan delesi (indel) ditemukan pada daerah *coding* maka akan terjadi perubahan pembacaan runutan kodon yang terbentuk (yang selanjutnya disebut dengan mutasi *frameshift*) yang pada akhirnya dapat menyebabkan terbentuknya protein yang abnormal yang kehilangan fungsinya (disfungsi protein) (Freeland 2005). Di antara perubahan fenotipe karena adanya mutasi SS, ekson skipping adalah kejadian yang paling banyak ditemui jika dibandingkan dengan perubahan fenotipe yang lain seperti aktivasi *cryptic splice site*, pembentukan *pseudo-exon* di antara intron dan retensi intron (Berget 1995). Ekson skipping diduga merupakan hasil dari kegagalan mutasi SS untuk mengenali ekson. Mutasi SS dapat mempengaruhi *pre-mRNA splicing* dan secara nyata telah terbukti meningkatnya kerentanan tubuh manusia terhadap penyakit (Nakai dan Sakamoto 1994, Berget 1995, Sakai *et al.* 1996, Ars *et al.* 2000, Faustino and Cooper 2003, Ward and Cooper 2010, Mattioli *et al.* 2014). Berdasarkan hal tersebut di atas, mutasi SS yang ditemukan pada gen Mx ayam pada penelitian ini kemungkinan menghasilkan protein gen Mx yang abnormal yang kehilangan fungsinya dalam meningkatkan resistensi terhadap antigen sehingga lokus S631N belum dapat digunakan sebagai marker genetik untuk meningkatkan resistensi ayam terhadap serangan AIV, ND maupun virus yang lain.

Kelompok ayam yang memiliki alel resisten A/A, yang juga memiliki tipe W (Tabel 18) diduga juga kehilangan fungsi alel resistennya tersebut dalam meningkatkan reaktifitasnya terhadap infeksi virus sehingga alel resisten A/A memiliki Ab NDV ($3,60 \pm 1,52$) dan Ab H5N1 AIV ($7,00 \pm 2,91$) yang lebih rendah ($p < 0.05$) jika dibandingkan dengan alel rentan yang homozigot G/G (Ab NDV 8,13

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

$\pm 3,02$; Ab H5N1 AIV $7,80 \pm 2,98$). Ayam yang memiliki alel rentan heterozigot A/G juga memiliki Ab NDV yang lebih tinggi ($5,10 \pm 2,42ab$; $P < 0,05$) jika dibandingkan dengan kelompok ayam yang memiliki alel resisten A/A ($3,60 \pm 1,52$). Namun demikian ayam yang memiliki alel rentan heterozigot A/G memiliki Ab H5N1 AIV yang lebih rendah ($6,00 \pm 2,83$; $P < 0,05$) jika dibandingkan dengan kelompok ayam yang memiliki alel resisten A/A ($7,00 \pm 2,91$). Hasil ini mengindikasikan bahwa peran alel A pada alel rentan heterozigot A/G tidak bisa dipastikan untuk meningkatkan respon antibodi ayam terhadap antigen tertentu. Mengingat resistensi terhadap penyakit dipengaruhi oleh berbagai antigen dan juga dikontrol oleh berbagai gen (*multi-gene*) (Qu *et al.* 2009), oleh karena itu pada penelitian ini belum dapat disarankan penggunaan umum alel A dari gen Mx untuk meningkatkan kekebalan tubuh ayam terhadap berbagai jenis antigen. Penelitian lebih lanjut untuk menganalisis asosiasi gen Mx dengan ayam dengan berbagai jenis patogen masih perlu dilakukan lebih lanjut seperti juga yang disarankan oleh (Benfield *et al.* 2008; Qu *et al.* 2009; Benfield *et al.* 2010; Yin *et al.* 2010 dan Wang *et al.* 2012

Hasil penelitian ini juga didukung oleh profil promotor gen Mx ayam (Gambar 17), dimana ayam yang memiliki alel resisten A/A juga mengalami mutasi pada sekuen TATA-box (YATAGAAAA), ISRE1 (AGGAGAAAYGAACTA) dan ISRE2 (GAAAGGAAARGGG) yang kemungkinan menyebabkan ayam dengan alel resisten bereaksi lebih lambat terhadap NDV dan AIV. Hasil penelitian ini mengindikasikan pengaruh negatif alel resisten A/A terhadap NDV dan H5N1 AIV seperti juga yang ditemukan oleh Qu *et al.* (2009) dan Wang *et al.* (2012). Qu *et al.* (2009) menemukan kelompok ayam yang memiliki alel resisten A/A memiliki rataan Ab AIV paling rendah (4.000 ± 1.497) jika dibandingkan dengan kelompok alel rentan A/G (4.936 ± 1.389) dan G/G (4.545 ± 1.583). Meskipun Ko *et al.* (2002) menduga adanya kemungkinan alel resisten A/A mempunyai aktifitas antiviral, namun demikian aktifitas antiviral dari gen Mx yang ditemukan oleh Ko *et al.* (2002) hanya dilakukan secara *in vitro*. Ujiantang virus terhadap alel A ayam juga tidak menunjukkan resistensi alel A terhadap aktivitas virus (Sironi *et al.* 2008, Wang *et al.* 2012, Schusser *et al.* 2011). Hasil penelitian ini mengindikasikan bahwa manfaat dari alel resisten A belum dapat dipastikan seperti yang dinyatakan oleh (Benfield *et al.* 2008; Qu *et al.* 2009; Benfield *et al.* 2010; Yin *et al.* 2010 dan Wang *et al.* 2012). Oleh karena itu, penelitian ini menyarankan adanya kajian lebih lanjut tentang karakteristik mutasi gen Mx pada *breed* atau galur ayam sebelum memilih alel resisten A/A untuk meningkatkan resistensi terhadap virus.

Berdasarkan sejarah seleksi dan pemuliaan ayam, kelompok ayam HC yang mengalami seleksi secara intensif untuk karakteristik tertentu dan mendapatkan program vaksinasi yang intensif (ARGb, BGK, BJ, BRO, BS, L, KT, SRM) juga memiliki mutasi tipe W pada ekson 14 gen Mx seperti halnya tipe mutasi gen Mx yang dimiliki oleh *breed* atau galur ayam ras komersial (Tabel 17). Namun demikian, pada penelitian ini, gen Mx KPGd yang dipelihara peternak sebagai tipe ayam dwiguna (penghasil telur dan daging) dalam sistem pemeliharaan umbaran tanpa adanya penerapan program seleksi (kelompok UC) (Tabel 17) juga memiliki tipe W (10%), mutan SS1 (50%) dan SS2 (40%). Di antara *breed* ayam pada kelompok HC, tipe mutan SS1 gen Mx hanya ditemukan pada ARGb (50%). Ayam-ayam lain yang berada di kelompok MC (AKB, KPGb dan STL) juga

merupakan mutan SS1 (Table 4). Mutan SS2 hanya ditemukan secara spesifik pada ayam lokal Indonesia (ARGj, KDh, KDI, KDp, PLg dan WLK), AHH dan AHM (Tabel 17; Gambar 18), mengindikasikan hubungan yang dekat antara ayam Indonesia dengan AHH dan AHM. Mutan SS2 juga ditemukan pada sekuen gen Mx AHM dari Cina (Li *et al.* 2007). Namun demikian, semua ayam dari Cina yang dianalisis oleh Liu *et al.* (2007) memiliki gen Mx tipe W. Berdasarkan hal tersebut, maka mutan SS2 pada gen Mx yang dimiliki oleh ayam Indonesia, AHM dan AHH diperkirakan sebagai penciri sekuen gen Mx nenek moyang ayam Indonesia. Di samping itu, hanyutan genetik (*genetic drift*) juga diduga mempengaruhi evolusi gen Mx ayam Indonesia.

Determinasi *Breed* Ayam Indonesia berdasarkan Keragaman Gen Mx

Tiga *diplogroup* utama gen Mx teridentifikasi pada penelitian ini (Gambar 20), yaitu *diplogroup* I yang terdiri dari AHH (kategori L1), *diplogroup* II yang terdiri dari ayam ras komersial dan sebagian ayam Indonesia (ARGb, KPGd dan WLK) dan *diplogroup* III yang didominasi oleh ayam Indonesia yang masuk dalam kategori UC dan MC. Ayam hutan hijau (AHH) memiliki cabang pohon (*branch length*) yang panjang yang menunjukkan tingginya keragaman gen Mx di dalam populasi. Ayam hutan hijau (AHH) juga membentuk *diplogroup* gen Mx tersendiri (*diplogroup* D). Namun demikian, kontribusi genetik AHH kepada ayam Indonesia dapat dijelaskan dari penyebaran BkSr pada *diplogroup* III bersama dengan ayam Indonesia yang lain, seperti halnya yang ditemukan pada penelitian tahap I dengan menggunakan penanda mtDNA D-loop.

Di sisi lain, sekuen gen Mx AHMj dan AHMs (L2) mengelompok pada kelompok III bersama-sama dengan ayam Indonesia yang lain (UC dan MC (Gambar 21). Hal ini mengindikasikan adanya kesamaan gen Mx AHMj dan AHMs dengan gen Mx ayam Indonesia. Hasil penelitian ini tidak sejalan dengan hasil analisis struktur populasi ayam berdasarkan analisis mtDNA d-loop (Gambar 12) yang menjelaskan terbentuknya kelompok *monophyletic* antara AHH dengan AHM yang selanjutnya menjadi kelompok sister dengan ayam Indonesia. Penggunaan *segment* lain dari gen Mx terutama intron perlu dilakukan untuk mendapatkan pemahaman yang lebih detail tentang proses evolusi, domestikasi dan pembentukan *breed* ayam lokal Indonesia.

Analisis struktur populasi ayam baik berdasarkan keragaman gen Mx maupun mtDNA d-loop juga menunjukkan bahwa BJ dan BS dari USA masing-masing tidak berkerabat dekat dengan KDh dan SUM (Gambar 12 dan 21). Kelompok *monophyletic* dibentuk oleh BJ dan BS bersama dengan WL, Bgk, KT, WL, RIR dan SRM yang dihasilkan dari program seleksi dan pemuliaan ayam yang diterapkan secara intensif (kelompok HC). Hal ini mengindikasikan bahwa BJ dan BS telah kehilangan identitas genetik ayam Indonesia akibat proses seleksi dan pemuliaan genetik yang telah dilakukan di USA (kemungkinan sudah mengalami perkawinan dengan ayam yang lain, terutama ayam ras komersial). Sebagian ayam Indonesia (ARGb12 dan WLK) juga tersebar di kelompok II. Berdasarkan informasi dari *breeder* ayam yang mengembangkan ARGb, *founder* awal dari populasi ARGb yang ada saat ini semula berasal *breeder* ARGb yang ada di Jawa

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Timur dan Jawa Tengah. Di Jawa Timur, KT yang memiliki gen kerdil (*dwarf*, *dw*) pernah digunakan dalam program pemuliaan ARG dengan tujuan untuk memperbaiki *feed conversion rate* (FCR). Oleh karena itu, ARGb yang ada saat ini masih memiliki kesamaan gen Mx dg gen Mx yang dimiliki oleh KT. Gen *dw* diketahui sebagai *sex-linked* gen kerdil yang menghasilkan penurunan bobot badan (sekitar 30-40% dari bobot badan normal ayam betina dewasa), tergantung pada umur dan latar belakang genetik. Gen *dw* pada umumnya dimanfaatkan pada ayam bibit dengan tujuan untuk menurunkan bobot badan induk ayam betina untuk meningkatkan efisiensi pakan dan produksi telur (Islam, 2005).

Ayam walik (WLK) kemungkinan juga memiliki *diplotype* yang sama dengan ayam ras komersial (WL GQ390353 dan RIR DQ78616 dan L), ayam hias (SRM) dan petarung (BgK) di kelompok II-C. Penelitian ini mendukung Ulfah *et al.* (2012) yang menemukan adanya introgresi gen ayam ras komersial pada WLK. Namun demikian, WLK pada sub *diplogroup* IIIJ juga mempunyai kesamaan *diplotype* gen Mx dengan gen Mx KDh, namun keduanya dapat dibedakan dari gen Mx ayam-ayam yang masuk kategori MC yang lain (KDp, PLg dan GAG) mengingat perbedaan probabilitas posterior diantara mereka >50%).

Pada sub *diplogroup* III-D, sekuen gen Mx NNK juga mempunyai kesamaan yang tinggi dengan sekuen gen Mx ARGj, ARS, KPGb dan STL. Kelima *breed* ayam tersebut merupakan *breed* ayam yang dihasilkan dari proses seleksi dan penerapan program pemuliaan baik untuk tujuan petelur, pedaging maupun dwiguna. Namun demikian, mereka mempunyai *diplotype* gen Mx yang berbeda (probabilitas 100%) dengan ayam Indonesia yang lainnya yang berada di sub-haplogroup IIIE-G, IIII-J dan AHM di IIIH. Hasil analisis struktur populasi ini mendukung hasil AMOVA (Tabel 11) yang menjelaskan perbedaan yang nyata antara keragaman gen Mx dengan sejarah program seleksi dan pemuliaan ayam. Pada penelitian ini, BkSr juga diperkirakan memiliki kekerabatan yang dekat dengan KPG seperti juga yang ditunjukkan oleh analisis struktur populasi ayam berdasarkan penanda mtDNA D-loop (Gambar 12) yang menjadi permulaan pembentukan *breed* ayam Indonesia.

SIMPULAN

Penelitian ini menemukan SNP-SNP baru pada gen Mx berbagai spesies, subspecies dan *breed* atau galur ayam yang memiliki latar belakang seleksi dan program pemuliaan yang berbeda. Total 127 SNPs ditemukan pada daerah promotor, 5'UTR dan *coding region* gen Mx ayam lokal Indonesia, dimana 72 SNPs diantaranya ditemukan pada *coding region* termasuk nonsynonymous S631N. Sebanyak 779 asam amino diprediksikan membentuk protein Mx ayam lokal Indonesia dan ayam hutan. Keragaman gen Mx ayam sangat dipengaruhi oleh sejarah seleksi dan pembentukan *breed* atau galur ayam. Ayam yang tidak mengalami program seleksi secara intensif (UC) mempunyai keragaman gen Mx lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam yang mengalami seleksi, baik seleksi tingkat menengah (MC) maupun seleksi yang sangat intensif (HC). Tiga tipe mutasi nukleotida pada ekson 14 gen Mx ayam (dimulai pada posisi 2352 sampai dengan 2382 bp) terdeteksi pada penelitian ini, yaitu (1). Tipe W ditemukan pada kelompok HC (kecuali AS), (2). Tipe SS1 ditemukan pada kelompok UC, MC dan

L1 dan L2, dan (3). Tipe SS2 ditemukan pada kelompok UC, MC dan L1 dan L2. Tipe SS2 gen Mx ayam diperkirakan sebagai karakteristik *origin* dari gen Mx ayam hutan dan ayam lokal Indonesia. Hilangnya 3 dan 32 basa nukleotida dari ekson 14 gen Mx masing-masing pada mutan SS1 dan mutan W, menghasilkan hilangnya 1 dan 8 asam amino pada ekson 14 gen Mx, sehingga diduga menyebabkan pembentukan protein Ms yang tidak normal. Frekuensi alel resisten A/A tertinggi (100%) dimiliki oleh ayam Indonesia pada kelompok UC dan MC (kecuali KPGb dan NNK). Ayam arab silver (AS) mempunyai frekuensi alel rentan heterozigot (A/G) tertinggi (80%) diikuti oleh NNK (50%), ARGb (34%), KPGj (30%), AKB (20%), dan BRO (10%). Alel rentan homozigot (G/G) tertinggi (100%) dimiliki oleh BJ, BS, L, KPGb, AHHj, AHHm, AHMj dan AHMs. Namun demikian, alel resisten A/A menunjukkan respon kekebalan negatif terhadap H5N1AIV dan NDV, oleh karena itu penggunaan umum alel A dari gen Mx untuk meningkatkan kekebalan tubuh ayam terhadap beberapa jenis antigen (terutama AIV dan NDV) belum dapat disarankan dalam penelitian ini. Penelitian tentang asosiasi gen Mx ayam dengan berbagai jenis antigen masih perlu dilakukan lebih lanjut. Penelitian ini juga menemukan substitusi *nonsynonymous* pada gen Mx ayam Indonesia dapat dijadikan sebagai penanda genetik untuk membedakan struktur populasi dan determinasi spesies/sub spesies dan *breed* atau galur ayam. Ayam *black java* (BJ) dan BS dari USA juga terdeteksi tidak berkerabat dekat dengan KDh dan SUM. Kontribusi AHH dalam domestikasi ayam Indonesia diperkirakan melalui pembentukan BkSr yang memiliki *diplotype* gen Mx yang sama dengan ayam Indonesia.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

4 PEMBAHASAN UMUM

Proses domestikasi ayam yang melibatkan ayam hutan telah diketahui diikuti oleh pembentukan *breed* ayam untuk berbagai pemanfaatan. Perbedaan antar *breed* ayam pada awalnya didasarkan pada karakteristik morfologi, geografi dan tingkah lakunya (Al-Nasser *et al.* 2007). Selanjutnya, teknologi molekuler diketahui sangat bermanfaat untuk menyediakan data yang lebih akurat dalam melakukan klasifikasi (Zink and Barrowclough 2008). Sumberdaya genetik (SDG) ayam dapat meliputi semua populasi ayam, mulai dari *breed* ayam asli dan lokal yang dipelihara peternak sampai galur ayam yang telah mengalami seleksi intensif untuk tujuan komersial maupun untuk tujuan penelitian. Karakterisasi untuk membedakan *breed* dan galur unggas sangat diperlukan untuk menyediakan data tentang standar *breed* atau galur unggas. Karakterisasi tersebut dapat meliputi struktur populasi, distribusi geografi, sistem produksi yang diterapkan peternak terhadap unggas yang dipelihara, karakteristik fenotipe (fisik, performa dan karakteristik-karakteristik yang unik lainnya), sejarah dan budaya pembentukan *breed* (*crossbreeding* atau seleksi) (Komiyama 2003, 2004ab; Granevitze *et al.* 2007; Tixier-Boichard *et al.* 2009; Sponenberg *et al.* 2014). Standarisasi pada ayam asli Indonesia pada umumnya belum banyak tersedia jika dibandingkan dengan ayam ras komersial. Oleh karena itu, sebagai upaya untuk menyediakan data karakteristik molekuler ayam Indonesia, penelitian ini menganalisis tentang struktur populasi dan determinasi *breed* dan galur ayam Indonesia berdasarkan keragaman genetik mtDNA d-loop dan gen Mx.

Sekuen mtDNA D-loop dan Gen Mx sebagai Penanda Genetik dalam Diferensiasi Subspesies dan Spesies Ayam Hutan

Crawford (1990) menduga setidaknya terdapat 5 sub spesies ayam hutan merah yang menjadi nenek moyang utama ayam domestik saat ini, yaitu (1). *G. g. gallus* dari Thailand dan wilayah di sekitarnya, (2). *G. g. spadiceus* dari Birma dan provinsi Yunnan, Cina, (3). *G. g. jabouillei* dari Cina Selatan dan Vietnam, (4). *G. g. murghi* dari India dan (5). *G. g. bankiva* dari pulau Jawa, Indonesia. Di sisi lain, *G. sonneratii* (Eriksson *et al.* 2008; Miao *et al.* 2013), *G. lafayetii* dan *G. varius* (AHH) (Miao *et al.* 2013) juga diperkirakan berkontribusi dalam proses domestikasi ayam, namun demikian proses hibridisasi mereka dengan ayam domestik belum dapat diketahui dengan jelas dan perlu dikaji lebih lanjut (Miao *et al.* 2013). Gambar 12 pada penelitian ini menjelaskan kontribusi AHMs, AHMj dan AHH terhadap domestikasi ayam Indonesia berdasarkan aliran genetik BRG, BkSr dan Bkk. Peranan masyarakat Indonesia dalam pemanfaatan ayam BkSr sebagai ayam pesuara dalam kontes mendukung konsep domestikasi hewan yang dijelaskan Crawford (1990) dan Zeder (2012) yang menjelaskan bahwa proses domestikasi hewan bukan hanya melibatkan materi biologi hewan yang bersangkutan namun juga melibatkan komponen sosial dan budaya manusia.

Sekuen gen Mx AHHj dari pulau Jawa berbeda dengan gen Mx AHHm dari pulau Madura (Gambar 20), mengindikasikan kesamaan hasil analisis tersebut dengan penanda mtDNA d-loop (Gambar 12). Hasil analisis keragaman nukleotida mtDNA d-loop (Tabel 5) juga sejalan dengan hasil analisis keragaman gen Mx

ayam (Tabel 9) dimana ayam Indonesia mempunyai keragaman nukleotida yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan ayam introduksi.

Di sisi lain, penggunaan penanda genetik mtDNA d-loop dan gen Mx, (masing-masing pada Gambar 12 dan 21) menghasilkan kesimpulan yang berbeda tentang diferensiasi subspecies AHM. Hasil analisis Bayesian menggunakan sekuen mtDNA d-loop (Gambar 12) menunjukkan AHMj secara jelas dapat dibedakan dengan AHMs. Hasil ini juga didukung oleh hasil analisis unrooted NJ (Gambar 11) yang menjelaskan *haplogroup* mtDNA d-loop AHMj dan AHMs juga berbeda (masing-masing disebut *haplogroup* J dan Sm) yang secara eksklusif terpisah dari AHM yang berasal dari negara-negara lain (Nishibori *et al.* 2005; Liu *et al.* 2006b; Miao *et al.* 2013). Namun, hasil analisis struktur populasi ayam berdasarkan sekuen gen Mx menunjukkan gen Mx AHMj identik dengan gen Mx AHMs dan ayam Indonesia dan mengelompok bersama pada *diplogroup* III (Gambar 20). Ayam Indonesia mempunyai hubungan yang lebih dekat dengan AHMj dan AHMs dibandingkan dengan ayam introduksi. Kontribusi AHH dan AHM dalam pembentukan *breed* ayam Indonesia dapat dijelaskan dengan adanya pembentukan BkSr, Bkk dan Bkk. Sekuen mtDNA d-loop dan gen Mx BkSr dan BRG identic dengan mtDNA d-loop dan gen Mx ayam Indonesia (Gambar 12 dan 16).

Perbedaan hasil analisis struktur populasi AHMj dan AHMs dengan menggunakan mtDNA d-loop dan gen Mx (Gambar 12 dan 21) diduga karena perbedaan karakter mtDNA d-loop dan gen Mx yang digunakan. DNA inti pada umumnya menjelaskan isolasi genetik yang terjadi saat ini antar populasi (Randi *et al.*, 2004), sehingga sekuen gen Mx ayam juga menjelaskan evolusi genetik yang terjadi saat ini. Sebagai DNA inti maka keragaman gen Mx anak sangat ditentukan oleh karakteristik genotipe gen induk (jantan dan betina) karena adanya kejadian rekombinasi alel yang terpaut pada karakteristik gen yang bersangkutan (Freeland 2005; Snustad dan Simmons 2010). Di sisi lain, penanda mtDNA menjelaskan tentang evolusi pewarisan sifat maternal yang terjadi dalam jangka panjang (Faulner *et al.*, 2004) yang dicirikan dengan tidak adanya rekombinasi sehingga anak yang dihasilkan oleh induk saat ini mempunyai kesamaan karakteristik sifat yang diwariskan oleh induknya sehingga dapat digunakan untuk menjelaskan hubungan kekerabatan yang terjadi pada masa lalu dan masa kini (Freeland 2005; Snustad dan Simmons 2010). Penelitian ini menduga bahwa di samping terisolasi secara genetik akibat sejarah seleksi dan pemuliaan ayam (untuk pembentukan *breed*), ayam Indonesia juga mempunyai kesamaan garis keturunan maternal. Penanda mtDNA d-loop dapat digunakan untuk menduga analisis kekerabatan maternal, sedangkan penanda gen Mx dapat digunakan secara parsial atau bersama-sama dengan mtDNA d-loop untuk tujuan yang spesifik saat ini.

Namun demikian, praktik perpindahan ayam pejantan sebagai sumber bibit dari suatu wilayah geografi ke wilayah geografi yang lain di Indonesia yang dilakukan oleh peternak diduga dapat mempengaruhi analisis struktur populasi ayam. Pizzari *et al.* (2004) menemukan bahwa seleksi spesifik yang terkait dengan kompetisi individu burung dari satu jenis kelamin selama periode reproduksi pada umumnya ditemukan pada avian. Hal ini dapat mempengaruhi karakteristik ukuran tubuh (Andersson *et al.* 2004), bulu (Silva *et al.* 2008) dan molekuler pada keturunannya (Li dan Merilä 2010). Oleh karena itu, analisis struktur populasi ayam hutan dan ayam Indonesia berdasarkan penanda genetik kromosom Z perlu

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

dilakukan di masa mendatang untuk mendapatkan data determinasi *breed* ayam yang lebih komprehensif.

Berdasarkan analisis keragaman nukleotida dengan menggunakan pendekatan MCMC, kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen mtDNA juga lebih tinggi (Tabel 6) jika dibandingkan dengan kecepatan mutasi nukleotida pada sekuen gen Mx (Tabel 14). Hal ini mengindikasikan bahwa mtDNA mempunyai tingkat keragaman genetik yang lebih tinggi sehingga sering digunakan untuk menjelaskan pewarisan genetik baik di dalam maupun diantara populasi (Freeland 2005).

Implikasi Keragaman mtDNA D-Loop dan Gen Mx terhadap Diferensiasi *Breed* Ayam Asli Indonesia, Pemanfaatan dan Pelestariannya

Secara umum, peternakan ayam di Indonesia terdiri dari peternakan komersial dalam berbagai skala usaha dan peternak tradisional (non komersial). Peternak ayam komersial secara fungsional terdiri dari peternak pembibit (*breeder*) sebagai penghasil bibit/benih (terutama untuk ayam pedaging, petelur, pesuara dan hias) dan peternak budidaya sebagai penghasil ayam siap potong dan telur konsumsi atau hanya sebagai pemelihara ayam untuk tujuan kontes suara atau penghobi. Hampir semua peternak komersial memelihara ayam untuk tujuan pangan (penghasil daging dan telur) seperti KPGb, KDh, KDp, KDI, STL dan untuk kontes ayam pesuara (AKB, BkSr, GAG dan PLG) dan ayam hias (BkSr dan CMN). Pada tingkat *breeder*, seleksi dan pemuliaan ayam sudah dipraktikkan oleh pemilik perusahaan pembibitan baik seleksi intensif (HC) maupun sedang (MC). Sedangkan peternak tradisional pada umumnya memelihara ayam asli Indonesia (BRG, KPGd, KPGI, KPGs, GUN, SUM dan WLK) dengan sistem pemeliharaan tradisional (UC). Seperti tahap seleksi ayam pada umumnya (Hutt 1949; Al-Nasser *et al.* 2007), *breeder* ayam Indonesia juga berdasarkan pola keseragaman karakteristik bulu dan diikuti oleh karakteristik kualitatif lainnya seperti bentuk jengger, warna kaki dan kulit ayam. Upaya ini penting untuk mengembangkan standar *breed* dan galur ayam yang selanjutnya dikembangkan menjadi ayam komersial yang ada saat ini. Menurut Simianer (2005), hanya ayam yang mempunyai nilai manfaat dan ekonomi yang tinggi selanjutnya akan terus dikembangkan sehingga populasinya dapat meningkat dengan pesat. Sebaliknya, ayam yang nilai manfaat dan ekonominya rendah jarang dimanfaatkan dan tidak dikembangkan dengan baik sehingga pada akhirnya punah. Kerangka pemikiran proses domestikasi dan pembentukan *breed* ayam asli Indonesia ditampilkan pada Gambar 22.

Proses pembentukan ayam Indonesia diduga mengikuti 4 tahapan seperti yang dijelaskan oleh Crawford (1990), FAO (2007) dan Zeder (2012), yaitu

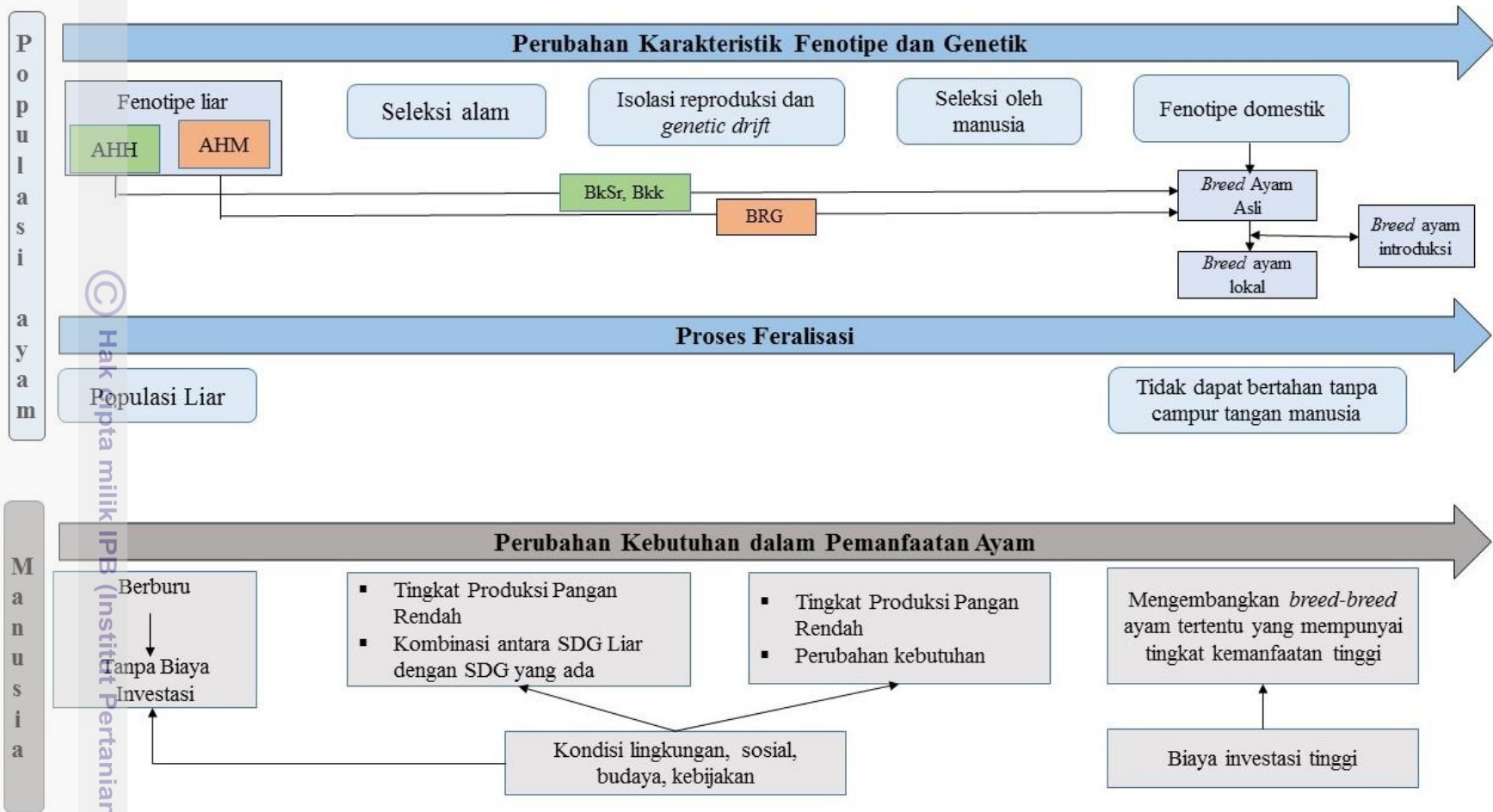
1. Tahapan pemanfaatan ayam hutan dalam ritual keagamaan, budaya dan tujuan tradisional lainnya seperti persembahan kepada raja atau tetua adat, dan bukan untuk tujuan pangan. Crawford (1990) mengemukakan bahwa pada tahapan domestikasi, manusia juga melakukan seleksi morfologi khususnya warna bulu dan tingkah laku ayam (sifat keliharaan ayam). Pada Bab II penelitian ini juga telah dijelaskan pemanfaatan AHM dan AHH serta pembentukan BRG dan BkSr yang diduga terjadi sejak fase prasejarah sampai abad ke-18. Pada awalnya BkSr secara umum dimanfaatkan dalam ritual keagamaan, simbol kekayaan, persembahan kepada raja-raja di Sumenep, pulau Madura.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Sedangkan Bennet (1856) mendefinisikan BRG sebagai ayam petarung dari Sumatera dengan postur tubuh kecil dan sangat agresif. Ayam hutan hijau (AHH) dan AHM juga diketahui sebagai satwa feral yang dipelihara oleh peternak di Indonesia bersama dengan ayam Indonesia yang lain.

2. Tahapan penyebaran ayam dari pusat domestikasi ke negara-negara di sekitarnya yang mempunyai perbedaan lingkungan dan kondisi sosial budaya dengan negara asal ayam tersebut. Ayam diperkirakan berpindah dari pusat domestikasi ayam mengikuti perpindahan manusia dan jalur perdagangan seperti yang dijelaskan pada Bab 2 pada penelitian ini (Gambar 14). Faktor sumber bibit (*founder effect*), migrasi, mutasi, seleksi alami dan seleksi oleh manusia diduga juga sangat mempengaruhi pembentukan ayam Indonesia seperti teori dasar penyebaran hewan yang dijelaskan oleh Crawford (1990), FAO (2007) dan juga Zeder (2012). Berdasarkan asal-usul geografinya, standar *breed* ayam di dunia dikategorikan menjadi 4, yaitu kelas Amerika, Asia, Inggris dan Mediterania, dimana masing-masing kelas selanjutnya terbentuk galur dan strain. *Breed* ayam yang dikenal mempunyai kontribusi utama dalam produksi ayam di dunia adalah (1) Plymouth Rock (PR, kelas Amerika) yang dimanfaatkan karena konformasi tubuhnya sebagai penghasil daging, (2). Cornish (Inggris) dan (3). White Leghorn (WL, Mediterania) yang dimanfaatkan karena produksi telurnya yang tinggi (Moreng and Avens, 1985; North dan Bell, 1990). Perpindahan manusia dan ayam dari negara-negara Asia, Afrika, Eropa, Mediterania dan USA diduga sangat mempengaruhi perkembangan pembentukan *breed* ayam di Indonesia (Gambar 13) sehingga analisis MJ dengan menggunakan sekuen mtDNA d-loop (Gambar 13) menemukan tiga aliran mtDNA D-loop ayam yang mempengaruhi pembentukan *breed* ayam Indonesia, yaitu: (1) Cina, India, Jepang dan Korea, (2). Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Laos, Myanmar dan Thailand dan (3). Afrika, Bangladesh, Cina, India, Jepang, Korea, Mediterania dan USA.
3. Tahapan pembentukan *breed* ayam murni yang dikembangkan di Eropa dan USA pada tahun 1800-an (Crawford 1990, Hutt 1949) diduga mempengaruhi pembentukan *breed* ayam Indonesia (Gambar 14). Perpindahan ayam dari Belanda ke Indonesia diduga terjadi pada tahun 1800 (Ricklefs 2001) bersama dengan perpindahan manusia dari Eropa pada masa penjajahan. Ayam hitam yang ada di Eropa dan USA (BJ dan BS) diduga juga dibentuk dari ayam hitam Indonesia yaitu masing-masing Kdh dan SUM (Bennet 1856; Cooper 1869; The American Poultry Association 1910; Smith 1921; Finsterbusch 1929; The American Poultry Association 1956; Roberts 2008), The American Poultry Association 2010). Penyelenggaraan kontes ayam BkSr yang pertama kali diduga juga terjadi sebelum tahun 1800-an, selanjutnya diikuti oleh kontes PLg, AKB dan GAG yang masing-masing pertama kali diselenggarakan pada tahun 1980, 1989 dan 2003.
4. Tahapan pembentukan *breed* ayam pedaging dan petelur komersial yang dilakukan oleh industri unggas pada tahun 2000-an juga diikuti oleh perkembangan program seleksi ayam Indonesia untuk tujuan pangan (daging dan telur) yang berlanjut sampai saat ini seperti yang dijelaskan oleh Sartika (2012).



Gambar 22. Kerangka pemikiran proses pembentukan ayam Indonesia. AHH: Ayam hutan hijau. AHM: ayam hutan merah. BkSr:: ayam bekisar. Bkk: ayam bekikuk. BRG: ayam bur

Hak Cipta Diilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan khusus yang bersifat non komersial.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

Hak Cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Pada umumnya, setiap *breed* ayam Indonesia yang digunakan sebagai sampel dalam penelitian ini mempunyai beberapa variasi sifat kualitatif (Tabel 2, Gambar 3-10) yang pada awalnya diduga sebagai galur yang dikembangkan dalam suatu *breed* ayam. Namun demikian, berdasarkan analisis struktur populasi dengan menggunakan sekuen mtDNA d-loop dan gen Mx), beberapa *breed* ayam belum dapat dikategorikan sebagai suatu *breed* atau galur yang spesifik yang membedakannya dengan *breed-breed* ayam Indonesia yang lain (Gambar 12 dan 21) terutama AKB, BkSr, GUN, KPG, PLG dan STL. Tingginya pertukaran genetik di antara populasi ayam (F_{ST} : 0.8796 pada sekuen mtDNA d-loop, dan $F_{ST} = 0,79293$ pada sekuen gen Mx) diduga menjadi salah satu penyebab utama kesulitan dalam diferensiasi beberapa *breed* ayam. Hal ini juga didukung oleh data keragaman genetik ayam yang tinggi (Tabel 5 dan 9) sehingga di masa mendatang masih memungkinkan untuk dilakukan seleksi yang intensif untuk membentuk *breed* murni atau galur baru yang mempunyai karakteristik spesifik utama yang terbukti seragam dan tidak mengalami perubahan setelah dilakukan perbanyakan (bersifat stabil) sesuai dengan persyaratan teknis penetapan *breed*. Tingkat keragaman genetik ayam juga sangat penting untuk semua sistem produksi ayam. Upaya untuk menjaga keragaman SDG ternak dapat menyediakan bahan baku bagi perbaikan genetik dan *breed* ternak yang berkelanjutan dan untuk memfasilitasi proses adaptasi yang cepat sesuai dengan perubahan lingkungan dan tujuan seleksi (Notter 1999; FAO 2007). Stevens (1991) menyatakan bahwa variasi genetik suatu populasi berhubungan erat dengan *fitness* dari populasi tersebut dimana populasi yang memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi akan beradaptasi lebih cepat terhadap lingkungan dibandingkan dengan populasi yang memiliki keragaman genetik yang rendah. Oleh karena itu, penelitian ini menduga bahwa ayam langka Indonesia yang sebagian besar dikategorikan dalam kelompok UC (yang memiliki keragaman genetik lebih tinggi, Tabel 5 dan 9, dibandingkan dengan ayam pada kelompok MC dan HC) memiliki tingkat adaptasi yang lebih baik terhadap kondisi lingkungan di Indonesia.

Penanda genetik berdasarkan sekuen mtDNA d-loop dan gen Mx yang digunakan pada penelitian ini dapat digunakan untuk membedakan ayam Indonesia dengan ayam introduksi dari luar negeri (Gambar 12, 13 dan 21). *Breed lintas internasional* terutama terdiri dari ayam Indonesia pada kelompok HC yang dimanfaatkan sebagai ayam pedaging (KPGb dan NNK) dan petelur (ARGb). Sedangkan *breed* asli terutama terdiri dari ayam Indonesia pada kelompok UC dan KDI (kelompok MC). Karakteristik gen Mx ayam Indonesia (*diplogroup* III) juga berbeda dengan karakteristik gen Mx ayam ras komersial (BRO, L dan WL), ayam hias (BgK, KT, SRM), BJ dan BS dari populasi USA (*diplogroup* II) (Gambar 21). Namun demikian, ayam Indonesia yang diseleksi untuk tujuan pangan (petelur atau pedaging, yaitu ARGb, ARS, KPGb, NNK dan STL) juga memiliki karakteristik gen Mx yang berbeda dengan gen Mx ayam Indonesia yang dimanfaatkan sebagai ayam tipe dwiguna (KPGj), ayam pesuara (AKB, BkSr, GAG dan PLG), ornamental (BRG) dan religi (CMN, SUM) (*dilogroup* II; Gambar 21). Menyebarnya *diploptype* gen Mx ARGb, BkSr dan WLK pada *diplogroup* II bersama dengan ayam ayam introduksi diduga akibat dari sejarah pembentukan *breed* ayam tersebut yang kemungkinan melibatkan ayam introduksi. Ayam petarung (BgK) juga digunakan oleh *breeder* untuk membentuk BkSr. Ayam walik (WLK) diduga

juga memiliki gen dw seperti halnya KT dan SRM sehingga diduga mempunyai karakter genetik yang identik dengan karakter genetik KT dan SRM. Hasil penelitian ini mendukung pernyataan Hutt (1949) yang menyebutkan bahwa WLK diduga berasal dari negara-negara di Asia, India dan Afrika yang kemudian menyebar ke seluruh dunia.

Usulan dalam Deferensiasi dan Penetapan *Breed* dan Galur Ayam Asli Indonesia dan Kebutuhan Penelitian di Masa Mendatang

Perbedaan *breed* ayam pada umumnya didasarkan pada perbedaan bentuk dan ukuran sedangkan galur atau varietas di dalam *breed* yang sama ditentukan berdasarkan warna bulu ayam (Stevens 1991). Namun demikian penentuan *breed* dan galur atau varietas pada ayam sering rancu mengingat parameter determinasi keduanya pada umumnya hanya ditentukan berdasarkan karakteristik fenotipe (Darwin (1868), Stevens (1991) dan Al-Nasser (2007)). Di Indonesia, penetapan *breed* dan galur ternak, termasuk ayam, diatur dalam Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 117/Permentan/SR.120/10/2014 tentang penetapan dan pelepasan *breed* atau galur hewan. Penetapan *breed* dan galur ternak merupakan pengakuan pemerintah terhadap *breed* atau galur yang telah ada di suatu wilayah sumber bibit yang secara turun-temurun dibudidayakan peternak dan menjadi milik masyarakat. Sedangkan pelepasan *breed* atau galur adalah penghargaan negara yang dilaksanakan oleh pemerintah terhadap suatu *breed* atau galur baru hasil pemuliaan di dalam negeri atau hasil introduksi yang dapat disebarluaskan. Permohonan penetapan dan pelepasan *breed* atau galur ternak tersebut dapat dilakukan oleh pemulia, baik perorangan, badan usaha, asosiasi, pemerintah, Unit Pelaksana Teknis (UPT) pemerintah daerah provinsi, maupun Unit Pelaksana Teknis (UPT) pemerintah daerah kabupaten/kota. *Breed* atau galur yang telah ditetapkan atau dilepas oleh pemerintah selanjutnya didaftarkan oleh Menteri Pertanian ke FAO yang dalam pelaksanaannya dilakukan oleh Direktur Jenderal Peternakan dan Kesehatan Hewan.

Persyaratan standar kualitas *breed* atau galur berdasarkan persyaratan teknis dalam penetapan *breed* atau galur yang ditetapkan pemerintah Indonesia (Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 117/Permentan/SR.120/10/2014) meliputi:

1. Nilai strategis yang meliputi nilai budaya, ekonomi, dan kemanfaatan rumpun atau galur.
2. Asal-usul yang memuat sejarah rumpun atau galur yang didasarkan informasi geografis, zooteknis dan/atau sitasi/kutipan pustaka pendukung
3. Sebaran asli geografis memuat lokasi rumpun atau galur yang telah dibudidayakan secara turun-temurun oleh peternak.
4. metode dan cara mendapatkan *breed* atau galur harus memenuhi persyaratan ilmiah dalam pembentukan *breed* atau galur baru.
5. Karakteristik harus memuat:
 - a. sifat kualitatif meliputi ciri khas suatu *breed* atau galur, seperti warna dan bentuk yang dapat dibedakan dengan *breed* atau galur lain
 - b. sifat kuantitatif meliputi ukuran tubuh, sifat produksi, dan sifat reproduksi.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

6. Informasi genetik yang memuat sifat spesifik *breed* atau galur yang diwariskan, seperti prolifrik/beranak banyak per kelahiran, daya adaptasi, toleransi terhadap penyakit, dan DNA.
7. Baru, unik, seragam, dan stabil (BUSS) dengan persyaratan:
 - a. baru, apabila pada saat penerimaan permohonan pelepasan, *breed* atau galur belum pernah diperdagangkan/diedarkan di Indonesia atau sudah diperdagangkan/diedarkan kurang dari 5 (lima) tahun
 - b. unik, apabila *breed* atau galur dapat dibedakan secara jelas dengan *breed* atau galur yang keberadaannya sudah diketahui secara umum pada saat penerimaan permohonan pelepasan *breed* atau galur
 - c. seragam, apabila sifat utama atau sifat penting pada *breed* atau galur terbukti seragam
 - d. stabil, apabila sifat *breed* atau galur tidak mengalami perubahan setelah diperbanyak atau dikembangkan.
8. Jumlah yang tersedia memuat jumlah minimum *breed* atau galur menurut jenis ternak, dimana untuk ayam ditetapkan sebanyak 30 dan 200 ekor masing-masing untuk jantan dan betina.
9. Foto yang memuat foto rumpun atau galur standar berwarna postur keseluruhan tubuh, depan, belakang, atas, samping kanan, samping kiri, dan bagian tubuh yang spesifik.

Berdasarkan standar kualitas yang ditetapkan oleh pemerintah di atas, penelitian ini mengajukan beberapa saran dalam penetapan *breed* atau galur ayam Indonesia di masa mendatang dengan memperhatikan aspek SDG ayam, sistem pemeliharaan, kondisi sosial, ekonomi, budaya, stake holder yang terlibat dan kebijakam yang mendukungnya. Saran-saran yang diajukan penelitian ini adalah:

1. Melakukan inventarisasi karakteristik ayam asli Indonesia yang langka yang sudah terbukti memiliki nilai kemanfaatan tinggi atau mempunyai potensi nilai kemanfaatan tinggi yang telah dikembangkan secara turun menurun oleh masyarakat di wilayah geografi tertentu. Mengingat BkSr mempunyai sifat yang unik dan mempunyai nilai strategis (ekonomi, sosial dan budaya) yang tinggi bagi peternak dan masyarakat Indonesia, terutama masyarakat di Madura, Jawa Timur dan Jawa Tengah sebagai ayam pesuara untuk kontes dan ayam hias, maka pengaturan penetapan *breed* untuk BkSr perlu mendapatkan perhatian khusus. Peraturan khusus dalam penetapan *breed* BkSr yang berbeda dengan peraturan penetapan *breed* ayam Indonesia yang lain perlu dipertimbangkan mengingat sebutan BkSr hanya untuk generasi pertama (F1) hasil perkawinan antara AHH (jantan) dengan ayam Indonesia (betina) sehingga sifat kualitatif dan kuantitatif BkSr berbeda dengan keturunan-keturunan berikutnya. Pada kontes BkSr seharusnya juga mensyaratkan bahwa BkSr yang berpartisipasi dalam kontes harus berasal dari induk AHH hasil penangkaran (*captive breeding*) sehingga adanya kontes BkSr dapat mendorong pengembangan penangkaran AHH di Indonesia.

Kontes ayam BkSr di Indonesia pada umumnya diselenggarakan di tingkat regional dan nasional. Keluarga Penggemar Ayam Bekisar Indonesia (KEMARI) sebagai organisasi yang menentukan standar kontes BkSr di Indonesia juga sudah menetapkan 3 kelas kualitas suara BkSr pada kontes, yaitu kelas pratama (umur < 1 tahun), kelas madya (kelas remaja, umur 1-1.5

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

tahun) dan kelas utama (umur > 1.5 tahun). Pada penelitian ini ditemukan 5 variasi warna bulu pada BkSr, yaitu merah, hitam, *jali emas* (kuning), putih (Gambar 5) dan *blorok*. Berdasarkan wawancara dengan *breeder* BkSr dan anggota KEMARI, *breeder* BkSr juga menggunakan berbagai *breed* ayam, baik ayam asli Indonesia maupun ayam hias dari luar negeri untuk digunakan sebagai induk betina yang dikawinkan dengan induk jantan AHH untuk membentuk BkSr, baik melalui perkawinan alami maupun dengan aplikasi teknologi inseminasi buatan (IB). Hasil perkawinan tersebut diperkirakan menyebabkan sekuen mtDNA d-loop dan gen Mx BkSr identik dengan ayam Indonesia dan ayam hias yang berasal dari luar negeri (Gambar 12 dan 20). Mengingat pada kontes BkSr tidak ditetapkan adanya persyaratan tentang silsilah BkSr yang berpartisipasi dalam kontes, oleh karena itu penelitian ini juga menyarankan silsilah BkSr sebagai salah satu persyaratan kontes BkSr.

2. Melakukan penelitian lebih lanjut tentang hubungan antara evolusi gen Mx ayam dengan aktifitas antiviral terhadap virus, terutama AIV dan NDV. Snustad dan Simmons (2010) menggarisbawahi bahwa materi genetik seharusnya berubah untuk menghasilkan variasi yang memberikan kesempatan bagi organisme untuk beradaptasi dengan perubahan (modifikasi) lingkungan sehingga proses evolusi secara fungsional dapat terjadi. Penelitian ini menemukan sejarah seleksi dan pemuliaan ayam berpengaruh nyata ($p < 0.05$) terhadap karakteristik gen Mx (Tabel 11) sehingga ayam pada kelompok HC memiliki karakteristik gen Mx yang berbeda dengan ayam pada kelompok UC, L1 dan L2. Evolusi gen Mx ayam terlihat dengan jelas dengan adanya mutasi pada daerah promotor (Gambar 17) dan mutasi di daerah ekson, terutama mutasi SS pada ekson 14. Ayam pada kelompok HC (yang memiliki tipe mutasi W) kehilangan 32 basa nukleotida (8 asam amino) jika dibandingkan dengan ayam Indonesia pada kelompok MC dan UC dan ayam hutan (Gambar 18 dan 19). Proses evolusi gen Mx ini diduga menyebabkan perubahan fungsi antiviral pada protein Mx ayam sehingga alel resisten A/A tidak memiliki respon kekebalan yang tinggi terhadap AIV dan NDV. Ayam yang memiliki mutasi tipe W, SS1 dan SS2 juga kemungkinan memiliki alel resisten A/A. Sehingga penelitian ini merekomendasikan untuk dilakukan penelitian lebih lanjut untuk menganalisis hubungan antara karakteristik mutasi gen Mx terhadap aktifitas antiviral yang dimiliki ayam.
3. Melakukan inventarisasi dan identifikasi ayam Indonesia yang mempunyai karakteristik spesifik yang mempunyai manfaat bagi adaptasi ayam terhadap kondisi lingkungan di Indonesia dan juga pembentukan *breed* atau galur ayam di masa yang akan datang. Penelitian ini menduga bahwa BRG, GUN, SUM dan WLK masih belum banyak dimanfaatkan oleh peternak sehingga upaya pengembangan ayam tersebut belum banyak dilakukan oleh peternak di Indonesia. Sebagian ayam Indonesia yang digunakan dalam penelitian ini memiliki gen-gen mayor yang belum dimanfaatkan secara optimal oleh peternak Indonesia, yaitu gen fibromelanosin (Fm) pada CMN, KDh dan SUM, *Naked-neck* (Na) pada GUN, lambat bulu (K) pada NNK, jengger *pea* (P) pada SUM, dan berbulu terbalik (*frizzle* F) dan kerdil (*dwarf* dw) pada WLK.

Penurunan jumlah bulu dan pembatasan tumbuhnya bulu pada daerah leher ayam akibat adanya gen *naked neck* (Na) telah diketahui bermanfaat

untuk membantu pelepasan panas tubuh ayam, terutama dalam kondisi suhu ambien yang tinggi, sehingga dapat membantu ayam untuk meningkatkan adaptasi terhadap suhu ambien yang tinggi dan juga meningkatkan produktifitas ayam (Sidadolog *et al.* 1996; Yalçin *et al.* 1997; Deeb dan Cahaner 1999; Yunis dan Cahaner 1999; Nwachukwu *et al.* 2006; Sidadolog 2007; Cahaner *et al.* 2008; Mahrous *et al.* 2008; Sharifi *et al.* 2010b; Hadad *et al.* 2014; Ariyadi *et al.* 2015). Hal yang sama juga ditemui pada ayam yang memiliki bulu terbalik akibat adanya gen F (Yunis dan Cahaner 1999; Sharifi *et al.* 2010a) dan juga gen K (Bacon *et al.* 1988 dan Fotsa *et al.* 2001). Kombinasi antara gen Na dengan F atau F dengan dw (Sharifi *et al.* 2010a) juga diketahui memberikan manfaat yang lebih besar bagi ayam (Bacon *et al.* 1988; Fotsa *et al.* 2001). Di sisi lain, gen P juga telah teridentifikasi membantu peningkatan pelepasan panas tubuh ayam (Wright *et al.* 2009).

Gen dw pada umumnya dimanfaatkan untuk menurunkan bobot badan induk betina dan untuk meningkatkan efisiensi pakan dan produksi telur (Islam, 2005; Chen *et al.* 2009; Sharifi *et al.* 2010a). Perkawinan antara ARGj dan KT juga pernah dilakukan oleh *breeder* ayam ARGj di Jawa Timur sehingga tidak mengherankan jika sebagian sampel ARGj menyebar di *haplogroup* D-IV dan D-V bersama-sama dengan KT (Gambar 13). Seleksi yang intensif untuk menghasilkan *breed* ARGb murni yang dilakukan oleh *breeder* ARGb di Jawa Barat kemungkinan dapat menghilangkan kontribusi KT sehingga *haplotype* mtDNA d-loop dan gen Mx ARGb berbeda dengan *haplotype* mtDNA d-loop dan gen Mx ARGb ARGj (Gambar 12 dan 21).

Fibromelanosis (Fm) merupakan pengaruh kombinasi pigmen hitam (melanin) pada kulit dan merah pada darah pada pembuluh kapiler sehingga menghasilkan warna biru kehitaman pada epidermis, jaringan penghubung internal, trakea, pericardium, pembuluh darah, otot, organ reproduksi, organ pencernaan dan tulang (Hutt 1949, Stevens 1991). Purnamasari *et al.* (2011) menemukan adanya melanin pada kulit dan otot CMN dan tidak menemukannya pada ayam broiler. Berdasarkan Gambar 12 dan 21, CMN dapat dibedakan dengan *breed* ayam lainnya dan juga KT silkie yang juga memiliki karakteristik Fm. Namun demikian, beberapa individu CMN mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dengan ayam kedu (KD) (Gambar 12 dan 21). Hal ini kemungkinan disebabkan karena CMN pada awalnya dibentuk dari proses seleksi yang dilakukan peternak pada populasi KDh, seperti juga yang dijelaskan oleh Sartika dan Iskandar (2007). Walaupun belum tersedia data tentang adanya gen Fm pada ayam hitam Indonesia yang lain (KDh, SUM, BJ dan BS), namun penanda mtDNA d-loop dan gen Mx berhasil digunakan untuk membedakan CMN dengan KDh, BJ, BS dan SUM. Oleh karena itu penelitian ini mendukung Dorshorst *et al.* (2011) yang juga menemukan bahwa karakteristik genom ayam yang terkait dengan karakteristik kualitatif fibromelanosis dapat digunakan untuk melakukan diferensiasi *breed* ayam hitam yang berasal dari wilayah geografi yang berbeda dengan sejarah program seleksi ayam yang juga berbeda. Terjadinya mutasi pada lokus gen Endothelin 3 pada ayam silkie (dari Cina), CMN (Indonesia), Black H'Mong (dari Ha Giang, Vietnam), Bohuslön-Dals Svarthöna (dari Swedia) (yang diimport dari Norwegia ke USA pada sekitar tahun 1990-an) diketahui

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

menyebabkan perbedaan ekspresi pigmentasi kulit ayam. Fibromelanosis (Fm) juga diduga terkait dengan peningkatan status kekebalan tubuh ayam selama masa pertumbuhan ayam (Luo *et al.* 2013). Penelitian ini juga menemukan bahwa semua sampel ayam CMN mempunyai alel resisten A/A (Tabel 12). Ommeh *et al.* (2010) juga menemukan frekuensi alel resisten A/A pada CMN tertinggi diantara ayam Indonesia yang lain. Namun demikian, tipe mutasi SS2 pada ekson 14 (Tabel 12) dan beberapa SNPs pada daerah promotor gen Mx CMN juga ditemukan pada penelitian ini (Gambar 17) sehingga penelitian lebih lanjut tentang asosiasi antara karakteristik Fm dengan karakteristik gen Mx dan resistensinya terhadap antigen masih perlu untuk dilakukan.

4. Pemutakhiran data terkini tentang perkembangan sistem seleksi dan pemuliaan yang diterapkan oleh peternak yang telah ditetapkan sebagai *breed* oleh pemerintah terutama pada ayam Indonesia yang mempunyai nilai ekonomi yang tinggi dan sudah dikembangkan dan dimanfaatkan secara komersial oleh masyarakat Indonesia. Sampai saat ini, delapan (8) ayam Indonesia sudah ditetapkan oleh pemerintah sebagai *breed* dan dikembangkan dan dimanfaatkan secara luas oleh masyarakat Indonesia, yaitu (1). AKB (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2919/Kpts/OT.140/6/2011), (2). GAG (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2920/Kpts/OT.140/6/2011), (3). Ayam gaok (Keputusan Menteri Pertanian Nomor 1056/Kpts/SR.120/10/2014), (4). KD (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2847/Kpts/LB.430/8/2012), (5). Ayam Kampung Unggul Balitnakk (KUB) (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 274/Kpts/SR.120/2014), (6). Ayam Merawang (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2846/Kpts/LB.430/8/2012), (7). NNK (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2848/Kpts/LB.430/8/2012), (8). PLG (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2918/Kpts/OT.140/6/2011), dan (9). STL (Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 698/Kpts/PD.410/2/2013). Dari 9 *breed* ayam Indonesia tersebut, enam (6) *breed* ayam diantaranya menjadi kajian dalam penelitian ini (AKB, GAG, KD, NNK, PLG dan STL).

Program seleksi dan pemuliaan untuk menghasilkan *breed* atau galur murni yang memiliki sifat yang seragam dan stabil yang spesifik pada *breed* atau galur tertentu perlu dilakukan untuk memenuhi persyaratan teknis dalam penetapan *breed* atau galur ayam Indonesia yang ditetapkan oleh pemerintah Indonesia (Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 117/Permentan/SR.120/10/2014). Peraturan pemerintah ini merupakan peraturan pemerintah yang baru sebagai penyempurnaan dari Peraturan Menteri Pertanian Nomor : 19/Permentan/OT.140/2/2008 (tentang penetapan dan pelepasan rumpun atau galur ternak). Mengingat informasi genetik yang memuat sifat spesifik *breed* atau galur yang diwariskan menjadi salah satu syarat utama dalam penetapan *breed* yang disebutkan dalam peraturan pemerintah yang terbaru (Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 117/Permentan/SR.120/10/2014) yang tidak disebutkan dalam peraturan pemerintah sebelumnya (Peraturan Menteri Pertanian Nomor: 19/Permentan/OT.140/2/2008), maka hasil penelitian ini yang menjelaskan tentang karakteristik genetik (mtDNA d-loop dan gen Mx) *breed* atau galur ayam Indonesia sangat penting digunakan sebagai dasar dalam penentuan *breed* dan galur ayam lokal Indonesia.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Berdasarkan Surat Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2920/Kpts/OT.140/6/2011 (tentang pembentukan rumpun GAG) disebutkan bahwa frekuensi berkokok GAG adalah 2 – 15 kali dari standar bunyi 2 kali dalam durasi kontes. Namun demikian, pada kontes GAG yang diselenggarakan saat ini, P3AKSI menetapkan 7 tipe suara dalam standar penilaian kontes, yaitu dangdut, disko, slow, gretek, kerajinan bunyi, remaja dan kristal. Beberapa variasi karakteristik bulu (Gambar 9) juga ditemukan pada setiap kelompok tipe suara sehingga penyebutan *breed* atau galur GAG baik berdasarkan tipe suara maupun karakteristik kualitatif penciri *breed* atau galur masih sulit untuk dilakukan. Berdasarkan Surat Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2920/Kpts/OT.140/6/2011 juga disebutkan bahwa warna bulu GAG meliputi putih, merah dan hitam dengan tipe jengger tunggal, bergerigi dan berwarna merah dan warna kaki putih, kuning dan hitam. Pada saat ini, warna bulu GAG yang lain seperti *wido* (*silver*), abu-abu dan *blorok* merah (*laced mottled*) dan juga tipe jengger *rose* juga ditemukan. Berdasarkan wawancara dengan anggota P3AKSI dan *breeder* GAG, GAG yang memiliki tipe jengger *rose* pertama kali digunakan dalam kontes pada tahun 2013 dan berlanjut sampai saat ini. Namun demikian, induk GAG dengan tipe suara tertentu dan karakteristik kualitatif tertentu belum tentu menghasilkan anakan GAG dengan karakteristik yang sama dengan induknya mengingat perkawinan ayam dilakukan secara acak antar GAG. Berdasarkan hal tersebut di atas maka perlu untuk dilakukan pemutakhiran data terkini tentang karakteristik *breed* GAG murni sebagai dasar dalam merencanakan program seleksi untuk membentuk galur GAG sesuai dengan standar yang ditetapkan dalam kontes. Kajian bioakustik diduga juga dapat digunakan sebagai dasar untuk menentukan diferensiasi karakteristik suara pada GAG dan juga ayam pesuara lainnya.

Berdasarkan hasil wawancara dengan pemilik *breeder* AKB, peternak juga mengawinkan AKB dengan GAG untuk mendapatkan pola suara baru. Sehingga penelitian ini menduga adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara AKB dengan GAG (Gambar 12). Pendugaan ini didukung oleh hasil analisis aliran genetik ayam yang juga menunjukkan penyebaran GAG dan AKB dalam *haplogroup* yang sama (Gambar 13). Saat ini, setidaknya ditemukan 12 tipe suara berdasarkan suku kata yang dihasilkan oleh AKB yang dijadikan dasar dalam penilaian suara pada kontes yaitu lenggek 5 sampai dengan lenggek 15. *Breeder* PLG juga melakukan perkawinan acak antar PLG yang memiliki berbagai karakteristik kualitatif yang ditemukan pada PLG (Gambar 10).

5. Perlu adanya pengendalian yang sistematis terhadap program-program pemuliaan ayam yang melakukan perkawinan antara ayam Indonesia dengan ayam introduksi maupun perkawinan antar *breed* ayam Indonesia dalam rangka melindungi SDG ayam Indonesia. Penelitian ini mengusulkan adanya kebijakan pemerintah dalam pengaturan zona pelestarian dan zona pemanfaatan ayam Indonesia untuk mengantisipasi meningkatnya erosi genetik yang dialami oleh ayam Indonesia akibat program pemuliaan genetik yang tidak terkendali yang peternak. Perlindungan terutama terhadap SDG *breed* ayam asli Indonesia (KDI, KPGd, KPGt dan SUM).

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

6. Perlu dilakukan kajian tentang prioritas pelestarian ayam Indonesia sehingga dapat ditentukan jumlah minimum *breed* atau galur ayam (*viable population*), alokasi pendanaan dan kebijakan untuk mendukung program pemanfaatan dan pelestarian SDG ayam lokal di kemudian hari. Penentuan prioritas pelestarian ayam sangat ditentukan oleh data populasi masing-masing *breed* ayam. Data populasi ayam Indonesia sampai saat ini masih terbatas. Data populasi ayam lokal yang tersedia saat ini (BPS 2015) merupakan data kumulatif ayam Indonesia (tidak meliputi data setiap *breed* ayam). Penyediaan data populasi setiap *breed* ayam perlu dilakukan untuk menentukan status kelangkaan ayam Indonesia. Kategori status kelangkaan ternak menurut rekomendasi FAO (Scherf 2005) terdiri dari (1). punah, (2). terancam punah, (3). terancam punah dan ada pengelolaan, (4). Terancam, (5). Terancam dan ada pengelolaan, dan (6). aman (Tabel 20). Konvensi Keanekaragaman Biologi (*The Convention on Biological Diversity*, CBD) (CBD 1992) juga sudah menetapkan pentingnya untuk menetapkan agenda dalam melakukan pelestarian SDG ternak. Selanjutnya FAO (2007) juga mendapatkan mandat (tugas) umum untuk mengurus pelestarian SDG ternak sehingga ditetapkan suatu jaringan internasional untuk tujuan pelestarian keragaman genetik ternak (FAO 2007). Pada tingkat nasional, keputusan tentang kegiatan pelestarian SDG ternak dilakukan oleh pemerintah atau organisasi non pemerintah. Namun dalam praktiknya, kegiatan-kegiatan pelestarian sering berubah-ubah tergantung pada *breed* yang menjadi target pelestarian dan metode pengukuran yang digunakan (Simianer 2005).

Tabel 20. Status kelangkaan ternak (Scherf 2005)

Kategori kelangkaan	Jumlah individu			Kriteria tambahan
	Betina (ekor)	Jantan (ekor)	Total ternak dalam program pemuliaan (ekor)	
Punah	0	0		Tidak memungkinkan untuk menyelamatkan <i>breed</i>
Terancam punah	≤ 100	≤ 5	≤ 120 dan populasi menurun	Program pelestarian dan pemuliaan diterapkan secara bersama-sama
Terancam punah dan ada pengelolaan				
Terancam	≤ 1000	≤ 20	a. 81-99 dan populasi meningkat dan populasi murni dalam program pemuliaan $< 80\%$ b. 1001-1200 dan populasi menurun dan populasi murni dalam program pemuliaan $< 80\%$	
Terancam dan ada pengelolaan				Program pelestarian dan pemuliaan diterapkan secara bersama-sama
Aman	> 1000	> 20	> 1200 dan populasi meningkat	

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Dalam rangka melestarikan dan memanfaatkan ayam Indonesia, peningkatan populasi dan manfaat ayam pemerintah Indonesia telah melakukan peningkatan pengusahaan budidaya sampai pemberian bantuan modal dan fasilitas usaha, seperti *Village Breeding Centre* (VBC) ayam lokal dan proyek *Rural Rearing Multiplication Centre* (RRMC), namun demikian belum memperlihatkan hasil sesuai dengan yang diharapkan (Samariyanto 2005). Perkembangan otonomi daerah yang menunjukkan adanya kebanggaan ciri khas kedaerahan yang telah dijadikan sebagai salah satu upaya pemanfaatan ayam lokal secara nasional, diharapkan dapat mendorong praktik pelestarian dan pengaturan pelepasan *breed* dan galur ayam Indonesia dengan lebih baik.

Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

5 SIMPULAN

Penanda mtDNA d-loop dan gen Mx dapat digunakan untuk membedakan spesies dan subspecies ayam hutan dan *breed* atau galur ayam. Namun demikian, enam *breed* ayam asli Indonesia (AKB, BkSr, GUN, KPGb, PLG dan STL) belum dapat dikenali sebagai *breed* yang berbeda, diduga karena sistem perkawinan yang tidak terkontrol yang diterapkan oleh pembibit untuk tujuan program pemuliaan ayam yang spesifik, baik sebagai ayam pesuara maupun sebagai ayam pedaging. Pembentukan *breed* ayam Indonesia diduga diawali dengan pembentukan *breed* ayam untuk tujuan hias dan pesuara dan diikuti dengan pembentukan ayam pedaging dan petelur. Kontribusi AHH dan AHM terhadap domestikasi ayam Indonesia diduga masing-masing melalui pembentukan BkSr dan Bkk, dan BRG. Penggunaan penanda gen Mx dan mtDNA d-loop dapat digunakan untuk membedakan subspecies AHHj dan AHHm, namun juga menghasilkan kesimpulan yang berbeda tentang diferensiasi subspecies/spesies AHM. Hubungan *monophyletic* dibangun oleh mtDNA d-loop AHM dengan ayam Indonesia. Penanda mtDNA d-loop dapat digunakan untuk menduga analisis kekerabatan maternal, sedangkan penanda gen Mx dapat digunakan secara parsial atau bersama-sama dengan mtDNA d-loop untuk tujuan analisis kekerabatan dan fungsi spesifik gen yang terjadi saat ini. Evolusi mtDNA d-loop dan gen Mx ayam Indonesia dipengaruhi oleh sejarah seleksi dan pembentukan *breed* ayam.

Penelitian ini menyediakan data penting tentang karakteristik molekuler ayam asli Indonesia untuk mendukung Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor: 117/Permentan/SR.120/10/2014 tentang penetapan dan pelepasan rumpun atau galur hewan). Usulan yang disarankan dari penelitian ini adalah: (1). Penyusunan panduan teknis khusus bagi penetapan ayam asli Indonesia yang langka yang sudah terbukti memiliki nilai kemanfaatan tinggi atau mempunyai potensi nilai kemanfaatan tinggi dan dikembangkan secara turun menurun oleh masyarakat, (2). Penelitian lebih lanjut tentang hubungan antara evolusi gen Mx ayam dengan aktifitas antiviral terhadap beberapa virus, (3). Inventarisasi dan identifikasi ayam Indonesia yang mempunyai karakteristik spesifik yang mempunyai manfaat bagi adaptasi ayam terhadap kondisi lingkungan di Indonesia dan juga pembentukan *breed* atau galur ayam di masa yang akan datang, (4). Pemutakhiran data terkini tentang perkembangan sistem seleksi dan pemuliaan yang diterapkan oleh *breeder* atau peternak ayam di Indonesia dan *breed* ayam atau galur yang dihasilkan, (5). Pengendalian yang sistematis terhadap program-program pemuliaan ayam asli Indonesia yang melakukan perkawinan antara ayam asli Indonesia dengan ayam dari luar negeri maupun perkawinan antar *breed* ayam asli Indonesia dalam rangka melindungi SDG ayam asli Indonesia, (6). Kajian tentang prioritas pelestarian ayam asli Indonesia untuk mendukung program pemanfaatan dan pelestarian SDG ayam di kemudian hari.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

DAFTAR PUSTAKA

- Adebambo AO, Mobegi VA, Mwacharo JM, Oladejo BM, Adewale RA, Ilori LO, Makanjuola BO, Afolayan O, Bjørnstad G, Jianlin H, Hanotte O. 2010. Lack of phylogeographic structure in Nigerian village chickens revealed by mitochondrial DNA D-loop sequence analysis. *Int. J. Poult. Sci.* 9 (5): 503-507.
- Andersson M, Wallander J. 2004. Animal behaviour: Relative size in the mating game. *Nature* 431:139-141.
- Al-Nasser A, Al-Khalifa H, Al Saffar A, Khalil F, Al-Bohouh M, Ragheb G, Al-Haddad A, Mashaly M. 2007. Overview of chicken taxonomy and domestication. *World's Poult. Sci. J.* 63:285-300.
- Altmann SM, Mellon MT, Johnson MC, Paw BH, Trede NS, Zon LI, Kim CH. 2004. Cloning and characterization of an Mx gene and its corresponding promoter from the zebrafish, *Danio rerio*. *Dev. Comp. Immunol.* 28:295-306.
- Ariyadi B, Sidadolog JHP, Harimurti S, Sudaryati S, Wihandoyo. 2015. Qualitative analysis of non-feather distributions as a phenotype and genotype in the Indonesian indigenous naked neck chickens. *Intern. J. Poult. Sci.* 14 (6): 348-353.
- Arora G, Mishra SK, Nautiyal B, Pratap SO, Gupta A, Beura CK, Singh DP. 2011. Genetics of hyperpigmentation associated with the Fibromelanosis gene (Fm) and analysis of growth and meat quality traits in crosses of native Indian Kadaknath chickens and non-indigenous breeds. *Br. Poult. Sci.* 52(6):675-685.
- Ars E, Serra E, García J, Kruyer H, Gaona A, Lázaro C, Estivill X. 2000. Mutations affecting mRNA splicing are the most common molecular defects in patients with neurofibromatosis type 1. *Hum. Mol. Genet.* 9(2):237-247.
- Bacon LD, Smith E, Crittenden LB. 1988. Association of the Slow Feathering (*K*) and an Endogenous Viral (*ev21*) Gene on the Z Chromosome of Chickens. *Poult. Sci.* 67 (2): 191-197.
- Balkissoon D, Staines K, McCauley J, Wood J, Young J, Kaufman J, Butter C. 2007. Low frequency of the Mx allele for viral resistance predates recent intensive selection in domestic chickens. *Immunogenetics* 59:687-691.
- Bandelt HJ, Forster P, Rohl A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* 16:37-38.
- Bazzigher L, Schwarz A, Staeheli P. 1993. No enhanced influenza virus resistance of murine and avian cells expressing cloned duck Mx protein. *Viol.* 195:100-112.
- Benfield CTO, Lyall JW, Kochs G, Tiley LS. 2008. Asparagine 631 variants of the chicken Mx protein do not inhibit influenza virus replication in primary chicken embryo fibroblast or in vitro surrogate assays. *J. Virol.* 82(15):7533-7539.
- Benfield CTO, Lyall JW, Tiley LS. 2010. The cytoplasmic location of chicken Mx is not the determining factor for its lack of antiviral activity. *PLoS ONE* 5(8):e12151.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Hak Cipta Milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Boğor Agricultural

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Bennet JC. 1856. *The Poultry Book: A Treatise on Breeding and General Management of Domestic Fowls with Enourmous Original Descriptions, and Portraits from Life*. Boston (USA): Phillips, Sampson and Company.
- Berget SM. 1995. Exon recognition in vertebrate splicing. *J. Biol. Chem.* 270(6):2411-2414.
- Bernasconi D, Schultz U, Staeheli P. 1995. The interferon-induced Mx protein of chickens lacks antiviral activity. *J. Interf. Cyto. Res.* 15:47–53.
- Berthouly-Salazar C, Rognon X, Van TN, Gély M, Chi CV, Tixier-Boichard M, Bed'Hom B, Bruneau N, Verrier E, Maillard JC, Michaux JR. 2010. Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genet.* 11:53.
- [BPS] Badan Pusat Statistik. 2015. *Populasi Ternak Indonesia 2015*. Jakarta (ID): Indonesia. <https://www.bps.go.id/linkTableDinamis/view/id/1030>. [20 Nopember 2015]
- Brown WM, George MJ, Wilson AC. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76(4): 1967-1971.
- Bughwati SRA, Ashari F. 2013. Crowing sound analysis of Gaga chicken: Local chicken from South Sulawesi, Indonesia. *Int J Plant Anim Environ Sci.* 3:164-168.
- Byun, SO, Fang Q, Zhou H, Hickford JGH. 2009. An effective method for silver-staining DNA in large numbers of polyacrylamide gels. *Anal. Biochem.* 385: 174-175.
- Cahaner A, Ajuh A, Siegmund-Schultze M, Azoulay Y, Druyan S, Valle A, Zàrate. 2008. Effects of the genetically reduced feather coverage in naked neck and featherless broilers on their performance under hot conditions. *Poult. Sci.* 87:2517–2527.
- Cartegni L, Chew SL, Krainer AR. 2002. Listening to silence and understanding nonsense: Exonic mutations that affect splicing. *Genet.* 3: 285-298.
- CBD 1992. *Convention on Biological Diversity*. Montreal, Canada. Secretariat of the Convention on Biological Biodiversity [15 Nopember 2015]. <http://www.biodiv.org>.
- Chen CF, Chen YH, Tixier-Boichard M, Cheng PY, Chang CS, Tang PC, Lee YP. 2009. Effects of the chicken sex-linked dwarf gene on growth and muscle development. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 22 (7): 937–942.
- Cho CY, Lee PY, Ko UK, Kim HK, Park MN, Yeon SH. 2010. mtDNA D-loop showing the multiple maternal origins of Korean native chicken. Direct submission to NCBI.
- Cooper JW. 1869. *Game Fowls, Their Origin and History, with A Description of The Breeds, Strains, and Crosses*. Pennsylvania (USA): Kessinger Publisher.
- Crawford RD. 1990. *Origin and History of Poultry Species. Poultry Genetic Resources: Evolution, Diversity, and Conservation*. Dalam: Crawford RD. (Ed.). *Poultry Breeding and Genetics*. Amsterdam (ND): Elsevier. hlm. 1–59.
- Crawford RD. 1995. *Origin, History and Distribution of Commercial Poultry*. Dalam: Hunton P.(Ed.). *Poultry Production*. Amsterdam (ND): Elsevier Science Publishers. Hlm. 1–20.
- Crosby A. 1986. *Ecological Imperialism*. Cambridge (UK): Cambridge University Press.

- Cuc NTK, Simianer H, Eding H, Tieu HV, Cuong VC, Wollny CBA, Groeneveld LF, Weigend S. 2010. An assessment of genetic diversity of Vietnamese local chicken breeds using microsatellites. *An. Gen.* 41(5):545–547.
- Cuc NTK, Simianer H, Groeneveld LF, Weigend S. 2011. Multiple maternal lineages of Vietnamese local chickens inferred by mitochondrial DNA D-loop sequences. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 24(2): 155-161.
- Dana N, Megens HJ, Crooijmans RPMA, Olivier H, Mwacharo J, Groenen MAM, van Arendonk JAM. 2010. East Asian contributions to Dutch traditional and western commercial chickens inferred from mtDNA analysis. *Anim. Genet.* 42:125–133.
- Dancause KN, Vilar MG, Steffy R, Lum JK. 2011. Characterizing genetic diversity of contemporary Pacific chickens using mitochondrial DNA analyses. *PLoS ONE* 6(2): e16843.
- Darwin C. 1868. *The variation of animals and plants under domestication*. London (UK).
- Deeb N, Cahaner A. 1999. The effects of naked neck genotypes, ambient temperature, and feeding status and their interactions on body temperature and performance of broilers. *Poult Sci.* 78:1341–1346.
- Desjardins P, Morais R. 1990. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. A novel gene order in higher vertebrates. *J. Mol. Biol.* 212(4):599-634.
- Dharmayanti NLPI, Hartawan R, Hewajuli DA, Indriani R. 2014. Phylogenetic analysis of genotype VII of new castle disease virus in Indonesia. *Af. J. Microb. Res.* 8(13):1368-1374.
- Dharmayanti NLPI, Indriani R, Adjid RMA. 2006. Identifikasi virus Avian Influenza pada beberapa jenis unggas di Taman Margasatwa Ragunan dan upaya eradikasinya. *Media kedokteran Hewan* 22(2):78-83.
- Dorshorst B, Molin A, Rubin C, Johansson A, Strömstedt L, Pham M, Chen C, Finn Hallböök F, Ashwell C, Andersson L. 2011. A complex genomic rearrangement involving the Endothelin 3 locus causes dermal hyperpigmentation in the chicken. *PLoS Genet* 7(12): e100241.
- Dorshorst B, Okimoto R, Ashwell C. 2010. Genomic regions associated with dermal hyperpigmentation, polydactyly and other morphological traits in the silkie chicken. *J. Hered.* 101 (3):339-350.
- Driscoll CA, Macdonald DW, O'Brien SJ. 2009. From wild animals to domestic pets, an evolutionary view of domestication. *PNAS* 106(1):9971–9978.
- Easterday BC. 1975. *Animal Influenza. Dalam: The Influenza Viruses and Influenza*. Kilbourne ED (Ed). New York (USA): Academic Press. Hlm 449–481.
- Edgar RC. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nuc Ac Res* 32(5):1792-1797.
- Eriksson J, Larson G, Gunnarsson U, Bed'hom B, Tixier-Boichard M, Strömstedt L, Wright D, Jungerius A, Vereijken A, Randi E, Jensen P, Andersson L. 2008. Identification of the yellow skin gene reveals a hybrid origin of the domestic chicken. *PLoS Genet* 4(2): e1000010.
- Eukarius C. 2007. *Storey's Illustrated Guide to Poultry Breed*. North Carolina (USA): Storey Publishing.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Ewald SJ, Kapczynski DR, Livant EJ, Suarez DL, Ralph J, McLeod S, Miller C. 2011. Association of Mx1 Asn631 variant alleles with reductions in morbidity, early mortality, viral shedding, and cytokine responses in chickens infected with a highly pathogenic avian influenza virus. *Immunogen.* 63(6):363-375.
- Excoffier L, Lischer HEL. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analysis under Linux and Windows. *Mol. Eco. Res.* 10: 564-567.
- Faustino NA, Cooper TA. 2003. Pre-mRNA splicing and human disease. *Genes. Dev.* 17:419-437.
- Feulner PGD, Bielfeldt W, Zachos FE, Bradvarovic J, Eckert I, Hartl GB. 2004. Mitochondrial DNA and microsatellite analyses of the genetic status of the presumed subspecies *Cervus elaphus montanus* (Carpathian red deer). *Hered.* 93:299-306.
- Finsterbusch CA. 1929. *Cock Fighting All Over The World*. New York (USA): Grit and Steel.
- [FAO] Food and Agriculture Organization of The United Nations. 1986. *Animal Genetic Resources Data Banks: Descriptor Lists for Poultry*. Rome (IT): FAO Animal Production and Health Paper 59(3):13-27.
- [FAO] Food and Agriculture Organization of The United Nations 2007. *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Rischkowsky B, Pilling D (Eds). Rome (IT): FAO.
- [FAO]. Food and Agriculture Organization of The United Nations. 2008. *Local chicken genetic resources and production systems in Indonesia*. Prepared by Muladno. *GCP/RAS/228/GER Working Paper No. 6*. Rome.
- [FAO] Food and Agriculture Organization of The United Nations. 2011. *Molecular genetic characterization of animal genetic resources*. Rome (IT): FAO. Animal Production and Health Guidelines. No. 9.
- Fotsa J, Philippe Mérat P, Bordas A. 2001. Effect of the slow (*K*) or rapid (*k*⁺) feathering gene on body and feather growth and fatness according to ambient temperature in a leghorn × brown egg type cross. *Genet. Sel. Evol.* 33(6):659–670.
- Freeland JR. 2005. *Molecular Ecology*. West Sussex (UK): John Wiley & Sons Inc.
- Fu YX, Li, WH. 1993. Statistical test of neutrality of mutations. *Genet.* 133:693-709.
- Fumihito A, Miyake T, Sumi SI, Takada M, Ohno S, Kondo N. 1994. One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91(26):12505-12509.
- Fumihito A, Miyake T, Takada M, Shingu R, Endo T, Gojobori T, Kondo N, Ohno S. 1996. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93:6792-6795.
- Gagniuc P, Ionescu-Tirgoviste C. 2012. Eukaryotic genomes may exhibit up to 10 generic classes of gene promoters. *BMC Genet.* 13:512.
- Gongora J, Rawlence NJ, Mobegi VA, Jianlin H, Alcalde JA, Matus JT, Hanotte O, Moran C, Austin JJ, Ulm S, Anderson AJ, Larson G, Cooper A. 2008. Indo-

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- European and Asian origins for Chilean and Pacific chickens revealed by mtDNA. *PNAS* 105(30):10308–10313.
- Granevitze Z, Hillel J, Chen GH, Cuc NTK, Feldman M, Eding H, Weigend S. 2007. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *Anim. Genet.* 38:576-583.
- Guan X, Geng T, Silva P, Smith EJ. 2007. Mitochondrial DNA sequence and haplotype variation analysis in the chicken (*Gallus gallus*). *J. Hered.* 98(7):723-726.
- Gunawan B, Sartika T. 2001. Persilangan ayam pelung jantan x kampung betina hasil seleksi generasi kedua (g2). *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner* 6(1):21-27.
- Haddad Y, Halevy O, Cahaner A. 2014. Featherless and feathered broilers under control versus hot conditions. 1. Breast meat yield and quality. *Poult. Sci.* 93:1067–1075.
- Hahn S. 2004. Structure and mechanism of the RNA polymerase II transcription machinery. *Nat. Struct. Mol. Biol.* 11:394–403.
- Haller O, Kochs G. 2002. Interferon-induced Mx proteins: Dynamin-like GTPases with antiviral activity. *Traffic.* 3: 710–717.
- Handiwirawan E. 2004. Pelestarian ayam hutan melalui pembentukan ayam bekisar untuk ternak kesayangan. *Prosiding Lokakarya Nasional Inovasi Teknologi dan Pengembangan Ayam Lokal*:87-95.
- Hillel J, Groonen MA, Tixier-Boichard M, Korol AB, David L, Kirzhner VM, Burke T, Barre-Dirie A, Crooijmans RP, Elo K, Feldman MW, Freidlin PJ, Maki-Tanila A, Oortwijn M, Thomson P, Vignal A, Wimmers K, Weigend S. 2003. Biodiversity of 52 chickens populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Select. Evol.* 35:533-557.
- Hornberger MA. 1988. The action of recombinant bovine interferons on influenza virus replication correlates with the induction of two Mx-related proteins in bovine cells. *Virol.* 162:181–186.
- Horst P. 1989. Native fowl as a reservoir for genomes and major genes with direct and indirect effect on the adaptability and their potential for tropically oriented breeding plans. *Arch. Gefügelk.* 53: 93-101.
- Hudson RR, Slatkin M, Maddison WP. 1992. Estimation of levels of gene flow from DNA sequence data. *Genet.* 132: 583–589.
- Hudson RR. 2000. A new statistic for detecting genetic differentiation. *Genet.* 155:2011-2014.
- Hug H, Costas M, Staeheli P, Aebi M, Weissmann. 1988. Organization of the Murin Mx gene and characterization of its interferon- and virus inducible promoter. *Mol. Cell. Bio.* 8(8): 3065-3079.
- Hutt FB. 1930. The genetics of the fowl. I. The inheritance of frizzled plumage. *J Genet.* 22:109-127.
- Hutt FB. 1949. *Genetics of The Fowl. The Classic Guide to Poultry Breeding and Chicken Genetics.* Oregon (USA): Norton Creek Press.
- Iskandar S, Desmayati Z, Sastrodihardio S, Sartika T, Setiadi P, Susanti D. 1997. Respon pertumbuhan ayam kampung dan ayam silangan-pelung terhadap ransum berbeda kandungan protein. *J. Ilmu Ternak dan Veteriner* 3(1):8-14.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

- Islam MA, Nishibori M. 2012. Phylogenetic analysis of native chicken from Bangladesh and neighboring Asian countries based on complete sequence of mitochondrial DNA D-loop region. *J. Poult. Sci.* 49:237-244.
- Islam MA. 2005. Sex-linked dwarf gene for broiler production in hot-humid climates. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 18:1662-1668.
- Jahan Rowshan J, Kumagae M, Nishibori M, Yasue H, Wada Y. 2011. Japanese silkie fowls are widely distributed in the phylogenetic tree derived from mitochondrial complete D-loop nucleotide sequences. *J. Poult. Sci.* 48: 176-180.
- Jakaria, Ulfah M, Putri DA. 2012. Phenotypic characteristics of legund chickens in West Java, Indonesia. *Proc 2nd ISAI*:130-134.
- Johnson JA, Toepfer JF, Dunn PO. 2003. Contrasting patterns of mitochondrial and microsatellite population structure fragmented populations of greater prairie chickens. *Mol. Ecol.* 12: 3335-3347.
- Jukes TH, Cantor CR. 1969. Evolution of protein molecules. Dalam Munro HN. (ed.). *Mammalian Protein Metabolism*. New York (USA): Academic Press New York. Hlm 21-132.
- Kanginakudru S, Metta M, Jakati RD, Nagaraju J. 2008. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. *BMC Evol. Biol.* 8: 174.
- Kasai Y, Chen H, Flint SJ. 1992. Anatomy of an unusual RNA polymerase II promoter containing a downstream TATA element. *Mol. Cell. Biol.* 12:2884-2897.
- Kawabe K, Worawut R, Taura S, Shimogiri T, Nishida T, Okamoto S. 2014. Genetic diversity of mtDNA polymorphisms in Laotian native fowl populations. *Asian-Aust J anim Sci* 27(1):19-23.
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2006. *Pedoman Pembibitan Ayam Lokal yang baik (Good Native Chicken Breeding Practice)*. Peraturan Menteri Pertanian Nomor 49/Permentan/OT.140/10/2006. Jakarta, Indonesia: Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2008. *Peraturan Menteri Pertanian Nomor : 19/Permentan/OT.140/2/2008 tentang Penetapan dan Pelepasan Rumpun atau Galur Ternak*. Jakarta (ID): Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Pemerintah Republik Indonesia. 2011. *Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 48 Tahun 2011 tentang Sumber Daya Genetik Hewan dan Perbibitan Ternak*. Jakarta (ID): Pemerintah Republik Indonesia.
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2011a. *Penetapan Rumpun Ayam Pelung*. Keputusan Menteri Pertanian Nomor 2918/Kpts/OT.140/6/2011. Jakarta (ID): Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2011b. *Penetapan Rumpun Ayam Kokok-Balenggek*. Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2919/Kpts/OT.140/6/2011. Jakarta (ID): Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2011c. *Penetapan Rumpun Ayam Gaga'*. Keputusan Menteri Pertanian Nomor: 2920/Kpts/OT.140/6/2011. Jakarta (ID): Kementerian Pertanian Republik Indonesia.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. 2014. *Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 117/Permentan/SR.120/10/2014 tentang Penetapan dan Pelepasan Rumpun Atau Galur Hewan*. Jakarta (ID): Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Kim J, Iyer VR. 2004. Global role of TATA box-binding protein recruitment to promoters in mediating gene expression profiles. *Mol. Cell. Biol.* 24(18):8104-8112.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16:111–120.
- Ko JH, Jin HK, Asano A, Takada A, Ninomiya A, Kida H, Hokiyama H, Ohara M, Tsuzuki M, Nishibori M, Mizutani M, Watanabe T. 2002. Polymorphisms and the differential antiviral activity of the chicken Mx gene. *Genome Res.* 12:595–601.
- Ko JH, Takada A, Mitsunashi T, Agui T, Watanabe T. 2004. Native antiviral specificity of chicken Mx protein depends on amino acid variation at position 631. *Anim. Genet.* 35:119–122.
- Koehn ME, Boonstra-Blom AG, Jeurissen SH. 2002. Immunological differences between layer- and broiler-type chickens. *Vet. Immunol. Immunopathol.* 89:47-56.
- Komiyama T, Ikeo K, Gojobori T. 2004b. The evolutionary origin of long-crowing chicken: its evolutionary relationship with fighting cocks disclosed by the mtDNA sequence analysis. *Gene* 333:91–99.
- Komiyama T, Ikeo K, Gojobori T. 2003. Where is the origin of the Japanese gamecock? *Gene* 317:195– 202.
- Komiyama T, Ikeo K, Tateno Y, Gojobori T. 2004a. Japanese domesticated chickens have been derived from Shamo traditional fighting cocks. *Mol Phylo. Evol.* 33:16–21.
- Langford SMS, Kraitsek S, Baskerville B, Ho SYW, Gongora J. 2013. Australian and Pacific contributions to the genetic diversity of Norfolk Island feral chickens. *BMC Genet.* 14:91.
- Lee SH, Vidal SM. 2002. Functional diversity of Mx proteins: Variations on a theme of host resistance to infection. *Genome Res.* 12: 527-530.
- Lee YJ, Bhuiyan MSA, Chung HJ, Jung WY, Choi KD, Jang BG, Paek WK, Jeon JT, Park CS, Lee JH. 2007. Mitochondrial DNA diversity of Korean Ogol chicken. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 20 (4) : 477 – 481.
- Leroy G, Kayang BB, Issaka AK Youssao IAK, Yapi-Gnaoré CV, Osei-Amponsah R, Loukou NE, Fotsa J, Benabdeljelil K, Bed'hom B, Tixier-Boichard M, Rognon X. 2012. Gene diversity, agroecological structure and introgression patterns among village chicken populations across North, West and Central Africa. *BMC Genet.*13:34.
- Li MH, Merilä J. 2010. Sex-specific population structure, natural selection, and linkage disequilibrium in a wild bird population as revealed by genome-wide microsatellite analyses. *BMC Evol. Biol.*10:66.
- Li XY, Qu LJ, Hou JC, Yao JF, Xu GY, Yang N. 2007. Genomic structure and diversity of the chicken Mx gene. *Poult. Sci.* 86:786-789.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Li XY, Qu LJ, Yao JF, Yang N. 2006. Skewed allele frequencies of an Mx gene mutation with potential resistance to avian influenza virus in different chicken populations. *Poult. Sci.* 85:1327-1329.
- Librado P, Rozas J. 2009. DnaSP v5: A Software for Comprehensive Analysis of DNA Polymorphism Data. *Bioinformatics.* 25: 1451-1452.
- Liu T, Qu H, Luo C, Li X, Shu D, Lund MS, Su G. 2014. Genomic selection for the improvement of antibody response to Newcastle Disease and Avian Influenza virus in chickens. *PLoS ONE* 9(11): e112685.
- Liu YP, Zhu Q, Yao Y. 2006a. Genetic relationship of Chinese and Japanese gamecocks revealed by mtDNA sequence variation. *Biochem. Genet.* 44 (1/2): 19-29.
- Liu YP, Zhu Q, Yao Y. 2006b. Multiple maternal origins of chickens: Out of the Asian jungle fowls. *Mol. Phylogenet. Evol.* 38:112-119.
- Livant EJ, Avendano S, McLeod S, Ye X, Lamont SJ, Dekkers JCM, Ewald SJ. 2007. Mx1 exon 13 polymorphisms in broiler breeder chickens and associations with commercial traits. *Anim. Genet.* 38:177-179.
- Luo C, Qu H, Wang J, Wang Y, Ma J, Li C, Yang C, Hu X, Li N, Shu D. 2013. Genetic parameters and genome-wide association study of hyperpigmentation of the visceral peritoneum in chickens. *BMC Genom.* 14:334.
- Lynno CM, Weigend A, Msoffe PL, Hocking PM, Simianer H, Weigend S. 2015. Maternal genealogical patterns of chicken breeds sampled in Europe. *Anim. Genet.* 46(4): 447-51
- Mahrous M, Galal A, Fathi MM, El-Dein AZ. 2008. Impact of naked neck (Na) and frizzle (F) genes on growth performance and immunocompetence in chickens. *Int. J. Poult. Sci.* 7 (1):45-54.
- Mattioli C, Pianigiani G, Roco DD, Bianco AMR, Cappelli E, Savoia A, Pagani F. 2014. Unusual splice site mutations disrupt FANCA exon 8 definition. *Biochimica et Biophysica Acta* 1842: 1052-1058.
- Meyer E, Kunz G, Haller O, Arnheiter H. 1990. Activity of rat Mx proteins against a Rhabdovirus. *J. Virol.* 64:6263-6269.
- Mérat P. 1986. Potential usefulness of the Na (naked neck) gene in poultry production. *World's Poult. Sci J.* 42:124-142.
- Miao YW, Peng MS, Wu GS, Ouyang YN, Yang ZY, Yu N, Liang JP, Pianchou G, Beja-Pereira A, Mitra B, Palanichamy G, Baig M, Chaudhuri TK, Shen YY, Kong QP, Murphy RW, Yao YG, Zhang YP. 2013. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Hered.* 110:277-282.
- Moiseyeva IG, Romanov MN, Nikiforov AA, Sevastyanova AA, Semyenova SK. 2003. Evolutionary relationships of red jungle fowl and chicken breeds. *Genet. Select. Evol.* 35:403-423.
- Moreng R, Avens JS. 1985. Classification, Nomenclature, and Showing of Poultry. Dalam: *Poultry Science and Production*. Virginia (USA): Reston Publishing Co. Inc. Hlm 16-45.
- Muchadeyi FC, Eding H, Simianer H, Wollny CBA, Groeneveld E, Weigend A. 2008. Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. *Anim. Genet.* 39:615-622.

- Mwacharo JM, Bjørnstad G, Mobegi V, Nomura K, Hanada H, Amano T, Jianlin H, Hanotte O. 2011. Mitochondrial DNA reveals multiple introductions of domestic chicken in East Africa. *Mol. Phylogenet. Evol.* 58(2):374-82
- Nakai K, Sakamoto H. 1994. Construction of a novel database containing aberrant splicing mutations of mammalian genes. *Gene* 14(2):171-177.
- Nataamijaya AG. 2000. The native chickens of Indonesia. *Bul. Plasma Nutfah* 6(1): 1-6.
- Nei M, Li W. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76 (10):5269-5273.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York (USA): Columbia Univ. Press.
- Nidup K, Penjor, Dorji P, Gurung R, Arasta P, Moran C. 2005. Genetic Structure of the indigenous chickens of Bhutan. *SAAR J. Agric.* 3:69-89.
- Nishibori M, Hanazono M, Yamamoto Y, Tsudzuki M, Yasue H. 2003. Complete nucleotide sequence of mitochondrial DNA in chickens, White Leghorn and White Plymouth Rock. *Anim. Sci. J.* 74:437-439.
- Nishibori M, Shimogiri T, Hayashi T, Yasue H. 2005. Molecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except *Gallus Varius*. *Anim Gen.* 36:367-375.
- Niu D, Fu Y, Luo J, Ruan H, Yu X, Chen G, Zhang Y. 2002. The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds. *Biochem. Gen.* 40:163-174.
- North MO, Bell DD. 1990. *Modern Breeds of Chickens*. Dalam: *Commercial Chicken Production Manual*. 4th edition. New York USA): An AVI Book. Hlm 1-12.
- Notter DR. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J. Anim. Sci.* 77:61-69.
- Nwachukwu EN, Ibe SN, Ejekwu K. 2006. Short term egg production and egg quality characteristics of main and reciprocal crossbred normal local, naked neck and frizzle chicken X exotic broiler breeder stock in a humid tropical environmental. *J. Anim. Vet. Adv.* 5(7):547-551.
- O'Neill AM, Livant EJ, Ewald SJ. 2010. Interferon alpha-induced inhibition of infectious bursal disease virus in chicken embryo fibroblast cultures differing in Mx genotype. *Avian Dis.* 54(2):802-806.
- Oka T, Ino Y, Nomura K, Kawashima S, Kuwayama T, Hanada H, Amano T, Takada M, Takahata N, Hayashi Y, Akishinonomiya F. 2007. Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. *Anim. Genet.* 38(3):287-293.
- Ommeh S, Jin LN, Eding H, Muchadeyi FC, Sulandari S, Zein MSA, Danbaro G, Wani CE, Zhao SG, Nie QH, Zhang XQ, Ndila M, Preisinger R, Chen GH, Yousif IA, K.-N. Heo KN, Oh SJ, Tapio M, Masiga D, Hanotte O, Jianlin H, Weigend S. 2010. Geographic and Breed Distribution Patterns of an A/G Polymorphism Present in the Mx Gene Suggests Balanced Selection in Village Chickens. *Int. J. Poult. Sci.* 9 (1):32-38.
- Pagala MA, Muladno, Sumantri C, Murtini S. 2013. Association of Mx gene genotype with antiviral and production traits in tolaki chicken. *Intern. J. Poult. Sci.* 12 (12):735-739.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Pizzari T, Løvlie H, Cornwallis CK. 2004. Sex specific, counteracting responses to inbreeding in a bird. *Proc. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 271:2115-2121.
- Pramual P, Meeyen K, Wongpakam K, Klinhom U. 2013. Genetic diversity of Thai native chicken inferred from mitochondrial DNA sequences. *Trop. Nat. His.* 13(2):97-106.
- Purnamasari E, Legowo AM, Bintorosifat VP. 2011. Warna dan kimia daging ayam cemani yang direndam dalam larutan asam sitrat. *Seminar Nasional Teknologi Peternakan dan Veteriner.* 806-814.
- Qu LJ, Li XY, Yang N. 2009a. Genetic relationships among different breeds of Chinese gamecocks revealed by mtDNA variation. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 22:1085-1090.
- Qu LJ, Lia XY, Xu GY, Ning ZH, Yang N. 2009b. Lower antibody response in chickens homozygous for the Mx resistant allele to avian influenza. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 4:465-470.
- Quan TZ, Wei WX, Min S, Yan YH, Bing CG, Wei RL, Chun LB. 2010. The genetic distribution and polymorphism analysis of antiviral resistant Mx gene in fifteen Chinese indigenous chicken breeds. *J. Anim. Vet. Adv.* 9(2):402-405.
- Randi E, Alves PC, Carranza J, Milosevic ZS, Sfougaris A, Mucci N. 2004. Phylogeography of roe deer (*Capreolus capreolus*) populations: The effects of historical genetic subdivisions and recent nonequilibrium dynamics. *Mol. Ecol.* 13:3071.
- Razafindraibe H, Mobegi VA, Ommeh SC, Rakotondravao, Bjørnstad G, Hanotte O, Han JL. 2008. Mitochondrial DNA origin of indigenous Malagasy chicken implication for a functional polymorphism at the *Mx Gene*. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 1149:77-79.
- Reid A. 1980. The structure of cities in Southeast Asia, fifteenth to seventeenth centuries. *J. Southeast. Asia. Studies*:235-250.
- Ricklefs MC. 2001. *A History of Modern Indonesia Since C.1200*. Third Edition. Hampshire (UK): Palgrave
- Riztyan, Katano T, Shimogiri T, Kawabe K, Okamoto S. 2011a. Genetic diversity and population structure of Indonesian native chickens based on single nucleotide polymorphism markers. *Poult. Sci.* 90:2471-2478.
- Riztyan, Suthama N, Ardiningsasi SM, Shimogiri S, Kawabe K, Kawamoto Y, Okamoto S. 2011b. Genetic diversity analysis of Indonesian native chickens using SNP markers on the Z chromosome. *Anim. Gen. J.* 39:49-53.
- Roberts V. 2008. *British Poultry Standard*. 6th Ed. Oxford (UK): Blackwell Publishing.
- Rogan PK, Faux BM, Schneider TD. 1998. Information analysis of human splice site mutations. *Hum. Mutation* 12:153-171.
- Ronni T, Matikainen S, Lehtonen A, Palvimo J, Dellis J, van Eylen F, Goetschy JF, Horisberger M, Content J, Julkunen I. 1998. The proximal interferon-stimulated response elements are essential for interferon responsiveness: a promoter analysis of the antiviral MxA gene. *J. Interf. Cytok. Res.* 18:773-781.
- Ronquist F, Huelsenbeck JP. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics.* 19(12):1572-1574.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Rusfida, Arlina F. 2014. A review of “long crower chickens” as poultry genetic resources in Indonesia. *Int. J. Poult. Sci.* 13 (11):665-669.
- Russel N. 2002. The wild side of animal domestication. *Soc Anim* 10(3):285-302.
- Saili T, Rahadi S, Badaruddin R, Nafiu LO. 2015. Improvement of local village chicken production in indonesia: case study in South-East Sulawesi, Indonesia. *Khon Kaen Agr. J.* 43(2):107-112.
- Sakai N, Santamarina-Fojo S, Yamashita S, Matsuzawa Y, Brewer HB. 1996. Exon 10 skipping caused by intron 10 splice donor site mutation in cholesteryl ester transfer protein gene results in abnormal downstream splice site selection. *J. Lipid Res.* 37:2065-2073.
- Samariyanto. 2005. Arah pengembangan pembibitan ayam lokal di Indonesia. *Lokakarya Nasional Inovasi Teknologi Pengembangan Ayam Lokal.*
- Sambrook J, Russell DW. 2000. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual.* Woodbury (USA): Cold Spring Harbor Laboratory Pr.
- Sartika T, Iskandar S, Prasetyo LH, Takahashi H, Mitsuru M. 2004. Genetic relationships of kampung, pelung, sentul and black kedu chicken using microsatellite DNA Markers: I. Linkage group of macro chromosome. *JITV* 9(2): 81-86.
- Sartika T, Sulandari S, Zein MSA. 2011. Selection of Mx gene genotype as genetic marker for Avian Influenza resistance in Indonesian native chicken. *BMC Proc.* 5(4): S37.
- Sartika T. 2012. The availability of Indonesian native chicken genetic resources and its development strategy for establishing parent and grand parent stock. *Workshop Nasional Unggas Lokal:*15-23.
- Sartika T, Iskandar S. 2007. *Mengenal Plasma Nutfah Ayam Indonesia dan Pemanfaatannya.* Bogor (ID): Balai Penelitian ternak. Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian.
- Sawai H, Kim HL, Kuno K, Suzuki S, Gotoh H, Takada M, Takahata N, Satta Y, Akishinomiya F. 2010. The origin and genetic variation of domestic chickens with special reference to junglefowls *Gallus g. gallus* and *G. varius*. *PLoS One* 5(5):e10639.
- Scherf BD. 2005. World watch list for domestic animal diversity. 3rd edition. FAO, Rome. Hlm 725.
- Schumacher B, Bernasconi D, Schultz U, Staeheli P. 1994. The chicken Mx promoter contains an ISRE motif and confers interferon inducibility to a reporter gene in chick and monkey cells. *Virology* 203 (1):144-148.
- Schusser B, Reuter A, von der Malsburg A, Penski N, Weigend S, Kaspers B, Staeheli P, Härtle S. 2011. Mx is dispensable for Interferon-Mediated Resistance of chicken cells against Influenza A virus. *J. Virol* 85(16):83078315.
- Sedyaningsih ER, Isfandari S, Setiawaty V, Rifati L, Harun S, Purba W, Imari S, Giriputra S, Blair PJ, Shannon D, Putnam SD, Uyeki TM, Soendoro T. 2007. Epidemiology of cases of H5N1 virus infection in Indonesia, July 2005–June 2006. *J. Infectious Diseases* 196:522–527.
- Seyama T, Ko JH, Ohe M, Sasaoka N, Okada A, Gomi H, Yoneda A, Ueda J, Nishibori M, Okamoto S, Maeda Y, Watanabe T. 2006. Population research

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- of genetic polymorphism at amino acid position 631 in chicken Mx protein with differential antiviral activity. *Biochem. Genet.* 44:437-448.
- Sharifi AR, Horst P, Simianer H. 2010a. The effect of frizzle gene and dwarf gene on reproductive performance of broiler breeder dams under high and normal ambient temperatures. *Poult. Sci.* 8 :2356–2369.
- Sharifi AR, Horst P, Simianer H. 2010b. The effect of naked neck gene and ambient temperature and their interaction on reproductive traits of heavy broiler dams. *Poult.Sci.* 89:1360–1371.
- Sidadolog JHP, Yuwanta T, Sasongko H, 1996. Effect of selection on the growth, production and reproduction performance in the Indonesian naked neck chickens. *Bul. Anim. Sci.* 20: 85-97.
- Siebel PB, Haberfeld A, Mukherjee TK, Stallard LC, Marks HL, Anthony NB, Dunnington EA. 1992. Jungle fowl–domestic fowl relationship: a use of DNA fingerprinting. *World. Poult. Sci. J.* 48:147-155.
- Silva N, Jesús M, Avilés , Danchin E, Parejo D. 2008. Informative content of multiple plumage-coloured traits in female and male European Rollers. *Behav. Ecol. Sociobiol.* 62:1969-1979.
- Silva P, Guan X, Ho-Shing O, Jones J, Xu J, Hui D, Notter D, Smith E. 2009. Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and Ceylon jungle fowl (*Gallus lafayetti*). *Anim. Genet.* 40(1):1-9.
- Simianer H. 2005. Decision making in livestock conservation. *Ecol. Econom.* 53:559-572.
- Simon D. 1990. Data banks and the conservation policy. Proc. 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production Vol. XIV. 23-27 July 1990. Edinburgh (UK): Dairy Cattle Genetics and Breeding, Adaptation, Conservation. Hlm 423-426.
- Sironi L, Williams JL, Moreno-Martin AM, Ramelli P, Stella A, Jianlin H, Weigend S, Lambordi G, Cordioli P, Mariani P. 2008. Susceptibility of different chicken lines to H7N1 highly pathogenic avian influenza virus and the role of Mx gene polymorphism coding amino acid position 631. *Virol.* 380:152-156.
- Smale ST, Kadonaga JT. 2003. The RNA polymerase II core promoter. *Annu. Rev. Biochem* 72:449–479.
- Smith AC. 1921. *Plymouth Rock: Standard Breed Book*. USA: The American Poultry Association.
- Smith, GJD, Naipospos TSP, Nguyen TD, de Jong MD, Vijaykrishna D, Usman TB, Hassan SS, Nguyen TV, Dao TV, Bui NA, Leung YHC, Cheung CL, J.M. Rayner JM, Zhang JX, Zhang LJ, Poon LLM, Li KS, Nguyen VC, Hien TT, Farrar J, Webster RG, Chen H, Peiris JSM, Guan Y. 2006. Evolution and adaptation of H5N1 influenza virus in avian and human hosts in Indonesia and Vietnam. *Virol* 350:258–268.
- Snustad DP, Simmons MJ. 2010. *Principles of Genetics*. 5th Edition. Minnesota (UK): John Wiley & Sons Inc.
- Somes RG. 1988. *International Registry of Poultry Genetics Stock*. Bulletin Document no 476. Storrs (USA): Storrs Agricultural Experiment Station, The University of Connecticut.

- Sponenberg DP, Beranger J, Martin A. 2014. *An Introduction to Heritage Breeds, Saving and Raising Rare-Breed Livestock and Poultry*. North Adam (USA): Storey Publishing.
- Stevens L. 1991. *Genetics and Evolution of The Domestic Fowl*. Victoria, Australia: Cambridge University Press.
- Storey AA, Athens JS, Bryant D, Carson M, Emery K, deFrance S, Higham C, Huynen L, Intoh M, Jones S, Kirch PV, Ladefoged T, McCoy P, Morales-Muniz A, Quiroz D, Reitz E, Robins J, Walter R, Matisoo-Smith E. 2012. Investigating the global dispersal of chickens in prehistory using ancient mitochondrial DNA signatures. *PLoS One* 7(7):e39171.
- Storey AA, Ramirez JM, Quiroz D, Burley DV, Addison DJ, Walter R, Anderson AJ, Hunt TL, Athens JS, Huynen L, Matisoo-Smith EA. 2007. Radiocarbon and DNA evidence for a pre-Columbian introduction of Polynesian chickens to Chile. *Proc Natl Acad Sci USA* 104:10335–9.
- Sulandari S, Zein MSA, Sartika T. 2008. Molecular characterization of Indonesian indigenous chickens based on mitochondrial DNA displacement (D)-loop sequences. *HAYATI J. Biosci.* 15(4):145-154.
- Sulandari S, Zein MSA. 2009. Analisis D-loop DNA mitokondria untuk memposisikan ayam hutan merah dalam domestikasi ayam di Indonesia. *Media Peternakan* 32(1):31-39
- Tajima F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*. 123:585-595.
- Talerico M, Berget SM. 1990. Effect of 5' splice site mutations on splicing of preceding intron. *Mol. Cell. Biol.* 10(12):6299-6305.
- Talib C, Inounu I, Bamualim A. 2007. Restrukturisasi peternakan di Indonesia. *Analisis Kebijakan Pertanian* 5:1-14.
- Tamura K, Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol. Biol. Evol.* 10(3):512–526.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S. 2013. MEGA 6: Molecular evolutionary genetics analysis Version 6. *Mol. Biol. Evol.* 30(12): 2725–2729.
- Technical Support Medion. 2014. Dinamika penyakit ayam di 2012 dan prediksinya di 2013. <http://info.medion.co.id>. 15. [20 Maret 2014].
- The American Poultry Association. 1883. *The American Standard of Excellence*. 9th Edition. Mass (USA): The American Poultry Association.
- The American Poultry Association. 1910. *The American Standard of Perfection*. Boston (USA): The American Poultry Association.
- The American Poultry Association. 1915. *The American Standard of Perfection: Illustrated A Complete Descriptions of All Recognized Varieties of Fowls*. Virginia (USA): The American Poultry Association.
- The American Poultry Association. 1951. *The American Standard of Perfection*. Virginia (USA): The American Poultry Association.
- The American Poultry Association. 1956. *The American Standard of Perfection: Illustrated A complete description of all recognized varieties of fowls*. Guthrie (USA): The American Poultry Association.
- The American Poultry Association. 2010. *The American Standard of Perfection*. Boston (USA): The American Poultry Association.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Tixier-Boichard M, Bordas a, Rognon X. 2009. Characterisation and monitoring of poultry genetic resources. *World's Poult. Sci. J.* 65:272-295.
- Toro MA, Caballero A. 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Phil. Trans. R. Soc. B.* 360:1367-1378.
- Ulfah M, Jakaria, Tarigan RT. 2012. Qualitative traits of *walik* chickens, the rare indigenous chicken in West Java, Indonesia. *Proc. 2nd ISAI*: 117-123.
- van Dort S, Hancox D. 2009. Genetics of Chicken Colors: The Basics. Tuin Vee (ND): Avicultura/Delta Pr.
- van Dort S. 2012. *Genetics of Chicken Extremities: The Basics*. Tuin Vee (ND): Avicultura/Delta Pr.
- Vanhala T, Tuiskula-Haavisto M, Vilkki KEJ, Ki-Tanila AM. 1998. Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poult. Sci.* 77:783–790
- Wada Y, Yamada Y, Nishibori M, Yasue H. 2004. Complete nucleotide sequence of mitochondrial genome in silkie fowl (*Gallus gallus* var. domesticus). *J Poult Sci* 41:76-82.
- Wang Y, Brahmakshatriya V, Lupiani B, Reddy S, Okimoto R, Li X, Chiang H, Zhou H. 2012. Associations of chicken Mx1 polymorphism with antiviral responses in avian influenza virus infected embryos and broilers. *Poult. Sci.* 91:3019-3024.
- Ward AJ, Cooper TA. 2010. The pathobiology of splicing. *J. Pathol.* 220(2):152-164.
- West B, Zhou BX. 1988. Did chickens go north? New evidence for domestication. *J. Archacol. Sci.* 15:515–533.
- Wollny CBA. 2003. The need to conserve farm animal genetic resources in Africa: should policy makers be concerned?. *Ecol. Econom.* 45:341-351
- [WHO] World Organization for Animal Health. 2015. *Human-Animal Interface Web Page*. http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/en/. [16 Nopember 2015].
- Wright D, Boije H, Meadows JRS, Bed'hom B, Gourichon D, Vieaud A, Tixier-Boichard M, Rubin C, Imsland F, Hallböök F, Andersson L. 2009. Copy Number Variation in intron 1 of SOX5 causes the pea-comb phenotype in chickens. *PLoS Genet.* 5(6): e1000512.
- Xiao S, Paldurai A, Nayak B, Samuel A, Bharoto EE, Prajitno TY, Collins PT, Sama SK. 2012. Complete Genome Sequences of Newcastle Disease Virus Strains Circulating in Chicken Populations of Indonesia. *J. Virol.*:5969–5970.
- Yacoub HA, Fathi MM. 2013. Phylogenetic analysis using d-loop marker of mtDNA of Saudi native chicken strains. *Mitochondr. DNA* 24 (5): 538-551.
- Yalçın S, Testik A, Ozkan S, Settar P, Elen FC, Cahaner A. 1997. Performance of naked neck and normal broilers in hot, warm, and temperate climates. *Poult. Sci.* 76:930–937.
- Yin CG, Du LX, Li SG, Zhao GP, Zhang J, Wei CH, Xu LY, Liu T, Li HB. 2010. Expression analysis of the Mx gene and its genome structure in chickens. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 23(7):855-862.
- Yunis R, Cahaner A. 1999. The effects of the naked neck (*Na*) and frizzle (*F*) genes on growth and meat yield of broilers and their interactions with ambient temperatures and potential growth rate. *Poult. Sci.* 78:1347–1352.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

- Zainal H, Sartika T, Zainuddin D, Komarudin. 2012. Persilangan pada ayam lokal (KUB, Sentul, Gaok) untuk meningkatkan produksi daging unggas nasional. *Workshop Nasional Unggas Lokal*: 102-108.
- Zeder MA. 2012. *Pathways to Animal Domestication*. Dalam: Biodiversity in Agriculture: Domestication, Evolution, and Sustainability. Gepts P, Famula TR, Bettinger RL (Eds.). Cambridge (UK): University Press:227-259.
- Zein MSA, Sulandari S. 2012. Keragaman genetik dan distribusi haplogrup ayam Kampung dengan menggunakan hipervariabel-I daerah kontrol DNA mitokondria. *JITV*. 17(2):120-131.
- Zeuner FE. 1963. *A History of Domesticated Animals*. New York (USA): Harper and Row.
- Zimmermann P, Manz B, Haller O, Schwemmler, Kochs G. 2011. The viral nucleoprotein determines Mx sensitivity of influenza A viruses. *J. Virol*. 85:8133-8140.
- Zink and Barrowclough 2008. Mitochondrial DNA under siege in avian phylogeography. *Mol. Ecol*. 17:2107-21

LAMPIRAN

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural I



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



Lampiran 1 Sekuen mtDNA d-loop ayam yang digunakan pada penelitian ini (Bab 2)

Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Bekisar	BkSr638	KR536030	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr550	KR536029	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr655	KR536031	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr656	KR536032	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr657	KR536033	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr659	KR536035	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr660	KR536036	B2	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG69	KR536127	D1	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1000	KR536007	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1001	KR536008	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1004	KR536011	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1008	KR536013	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1009	KR536014	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB754	KR536019	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kedu putih	KDp789	KR536096	D1	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Pelung	PLG142	KR536138	D1	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG172	KR536150	D1	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG42	KR536157	D1	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG43	KR536158	D1	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG44	KR536159	D1	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Sumatera	SUM78	KR536164	D1	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Halcoptm/11/173 Institut Pertanian Bogor

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi, keluarga, dan kerabat.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Sumatera	SUM79	KR536165	D1	Indonesia: West Sumatera	Penelitian ini
Walik	WLK97	KR536176	D1	Indonesia: North Sumatera	Penelitian ini
Walik	WLK99	KR536177	D1	Indonesia: North Sumatera	Penelitian ini
Bekikuk	Bkk652	KR536026	D2	Indonesia: East Java	Penelitian ini
Burgo	BRG128	KR536041	D2	Indonesia: Lampung	Penelitian ini
Burgo	BRG129	KR536042	D2	Indonesia: Lampung	Penelitian ini
Burgo	BRG306	KR536043	D2	Indonesia: North Sumatera	Penelitian ini
Burgo	BRG307	KR536044	D2	Indonesia: North Sumatera	Penelitian ini
Burgo	BRG308	KR536045	D2	Indonesia: North Sumatera	Penelitian ini
Gaga'	GAG130	KR536058	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG131	KR536059	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG132	KR536059	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG301	KR536061	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG302	KR536062	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG303	KR536063	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG305	KR536064	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG421	KR536065	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG428	KR536066	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG432	KR536068	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG433	KR536069	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG436	KR536071	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG432	KR536068	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG433	KR536069	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG436	KR536071	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Kampung	KPg300	KR536113	D2	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Kedu putih	KDp788	KR536095	D2	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Bangkok	BgK167	KR536020	D3	Indonesia†	Penelitian ini
Bekikuk	Bkk553	KR536025	D3	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekikuk	Bkk653	KR536027	D3	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekikuk	Bkk654	KR536028	D3	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Bekisar	BkSr558	KR536034	D3	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Cemani	CMN560	KR536048	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN644	KR536049	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN661	KR536050	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN771	KR536052	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN772	KR536053	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN773	KR536054	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN774	KR536055	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN776	KR536056	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Gaga'	GAG132	KR536060	D3	Indonesia: Sidrap, Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Kampung	KPG41	KR536114	D3	Indonesia: Bogor, Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG47	KR536118	D3	Indonesia: Bogor, Jawa Barat	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh763	KR536080	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh766	KR536081	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh778	KR536082	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI800	KR536089	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI801	KR536090	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI802	KR536091	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Kedu lurik	KDI803	KR536092	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI799	KR536088	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu putih	KDp794	KR536097	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu putih	KDp795	KR536098	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu putih	KDp797	KR536100	D3	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1002	KR536009	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1007	KR536012	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1010	KR536015	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1011	KR536016	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG142	KR536138	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG143	KR536139	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG144	KR536140	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG145	KR536141	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG147	KR536143	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG148	KR536144	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG149	KR536145	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG174	KR536151	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG175	KR536152	D3	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Sumatera	SUM80	KR536166	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Walik	WLK110	KR536168	D3	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Burgo	BRG758	KR536047	D4	Indonesia: Bengkulu	Penelitian ini
Kampung	KPG1	KR536103	D4	Indonesia: Blitar, Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG100	KR536104	D4	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG108	KR536105	D4	Indonesia: Lampung	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Kampung	KPG109	KR536106	D4	Indonesia: Lampung	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI798	KR536087	D4	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Legund	GUN14	KR536072	D4	Indonesia: Tulungagung, Jawa Timur	Penelitian ini
Legund	GUN153	KR536074	D4	Indonesia: Lampung, Sumatera	Penelitian ini
Legund	GUN416	KR536076	D4	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Burgo	BRG1118	KR536037	D5	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Burgo	BRG1123	KR536040	D5	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Burgo	BRG712	KR536046	D5	Indonesia: Bengkulu	Penelitian ini
Pelung	PLG156	KR536149	D6	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG180	KR536154	D6	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Bangkok	BgK8	KR536023	D7	Indonesia†	Penelitian ini
Kukuak Balenggek Sumatera	AKB744	KR536017	D7	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Gaga'	SUM741	KR536162	D7	Indonesia: Sumatera Barat	Penelitian ini
Kedu hitam	GAG303	KR536063	D8	Indonesia: Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh779	KR536083	D8	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh782	KR536084	D8	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh784	KR536085	D8	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu hitam	KDh785	KR536086	D8	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Sumatera	SUM95	KR536167	D8	Indonesia: Sumatera Utara	Penelitian ini
Sumatera	SUM70	KR536160	D9	Indonesia: Sumatera Utara	Penelitian ini
Bangkok	BgK9	KR536024	D10	Indonesia†	Penelitian ini
Burgo	BRG1119	KR536038	D10	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Burgo	BRG1122	KR536039	D10	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Kukuak Balenggek	AKB1003	KR536010	D10	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan khusus lainnya;
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Kukuak Balenggek	AKB751	KR536018	D10	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG152	KR536146	D11	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG155	KR536148	D11	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG178	KR536153	D11	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kedu lurik	KDI805	KR536094	D12	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Legund	GUN17	KR536075	D12	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Legund	GUN417	KR536077	D12	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Legund	GUN419	KR536078	D12	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Walik	WLK411	KR536172	D12	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Walik	WLK412	KR536173	D12	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Walik	WLK413	KR536174	D12	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Walik	WLK414	KR536175	D12	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Pelung	PLG146	KR536142	D13	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Walik	WLK161	KR536170	D13	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG21	KR536109	D14	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG23	KR536110	D14	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG24	KR536111	D14	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG48	KR536119	D14	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG49	KR536120	D14	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Walik	WLK28	KR536171	D14	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Gaga'	GAG430	KR536067	D15	Indonesia: Sidrap Sulawesi Selatan	Penelitian ini
Gaga'	GAG434	KR536070	D15	Indonesia: Sidrap, Sulawesi selatan	Penelitian ini
Kampung	KPG50	KR536121	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG52	KR536122	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Kampung	KPG53	KR536123	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG58	KR536124	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG55	KR536125	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Kampung	KPG56	KR536126	D15	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
Legund	GUN54	KR536079	D15	Indonesia: Medan, Sumatera Timur	Penelitian ini
Cemani	CMN662	KR536051	D16	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Cemani	CMN777	KR536057	D16	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kampung	KPG447	KR536115	D16	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG455	KR536116	D16	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kampung	KPG457	KR536117	D16	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Kedu putih	KDp904	KR536101	D17	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Kedu putih	KDp905	KR536102	D17	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Sumatera	SUM757	KR536163	D18	Indonesia: Sumatera Barat	Penelitian ini
Legund	GUN15	KR536073	D19	Indonesia: Tulungagung, Jawa Timur	Penelitian ini
Bangkok	BgK649	KR536021	D20	Indonesia†	Penelitian ini
Bangkok	BgK750	KR536022	D20	Indonesia†	Penelitian ini
Nunukan	NNK402	KR536128	E4	Indonesia: Kalimantan Timur	Penelitian ini
Nunukan	NNK407	KR536131	E4	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK408	KR536132	E4	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK409	KR536133	E4	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK511	KR536136	E4	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK405	KR536129	E1	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK410	KR536134	E1	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Nunukan	NNK512	KR536135	E1	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, pe-
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Nunukan	NNK513	KR536137	E1	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Kedu putih	KDp796	KR536099	E1	Indonesia: Temanggung, Jawa Tengah	Penelitian ini
Nunukan	NNK406	KR536130	E1	Indonesia: Kalimantan	Penelitian ini
Kampung	KPG25	KR536112	E2	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG154	KR536147	E2	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG38	KR536155	E2	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
Pelung	PLG39	KR536156	E2	Indonesia: Cianjur, Jawa Barat	Penelitian ini
AHHj <i>G. varius</i>	AHHj18	KR535995	Vj	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
AHHj <i>G. varius</i>	AHHj19	KR535996	Vj	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
AHHj <i>G. varius</i>	AHHj658	KR535997	Vj	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
AHHj <i>G. varius</i>	AHHm702	KR535998	Vm	Indonesia: Madura	Penelitian ini
AHHm <i>G. varius</i>	AHHm710	KR535999	Vm	Indonesia: Madura	Penelitian ini
AHHm <i>G. varius</i>	AHHm713	KR536000	Vm	Indonesia: Madura	Penelitian ini
AHMj <i>G. g. bankiva</i>	AHMj650	KR536001	Jv	Indonesia: Jawa Timur	Penelitian ini
AHMj <i>G. g. bankiva</i>	AHMJ651	KR536002	Jv	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
AHMj <i>G. g. bankiva</i>	AHMj759	KR536003	Jv	Indonesia: Jawa Barat	Penelitian ini
AHM <i>G. g. spadiceus</i>	AHM <i>s</i> 1120	KR536004	Sm	Indonesia: Solok, Sumatera Barat	Penelitian ini
AHM <i>G. g. spadiceus</i>	AHM <i>s</i> 709	KR536005	Sm	Indonesia: OKI, Sumatera	Penelitian ini
AHM <i>G. g. spadiceus</i>	AHM <i>s</i> 737	KR536006	Sm	Indonesia: Lampung, Sumatera	Penelitian ini
Walik	WLK134	KR536169	Y1	Indonesia: Lampung, Sumatera	Penelitian ini
Ayam domestik		AB114058	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114059	E3	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114060	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114061	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)



1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Hak Ilmiah Dilindungi Undang-Undang

Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Ayam domestik		AB114062	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114063	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114064	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114065	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB114066	E1	Jepang	Komiyama <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		AB086102	A1	Jepang: Hiroshima	Wada <i>et al.</i> (2004)
Ayam domestik		GU261684	A	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261695	A	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. gallus</i>		GU261700	A	Myanmar	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		NC_007235	B	Laos: Vientiane	Nishibori <i>et al.</i> (2005)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261704	B	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261705	B	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261714	B	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261699	B	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. jabouillei</i>		GU261674	Z	Cina: Hainan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. jabouillei</i>		GU261696	Z	Cina: Hainan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261693	Y	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261701	C1	Cina: Henan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261675	C1	Cina: Hunan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261681	C1	Cina: Hunan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261718	C1	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261679	C1	Cina: Henan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261680	C2	India Selatan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261716	C3	Myanmar	Miao <i>et al.</i> (2013)



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
AHM <i>G. g. murghi</i>		GU261707	C3	India	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. gallus</i>		NC_007236	D1	Filipina: Manila	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. bankiva</i>		NC_007237	D1	Indonesia: Bali	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. bankiva</i>		AP003323	D1	Indonesia	Nishibori <i>et al.</i> (2005)
Ayam domestik		GU261687	D1	Laos	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261682	D1	Laos	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261683	D2	Cina: Xinjiang	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261677	D3	Cina: Zhejiang	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261697	D3	India Selatan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261685	D3	India Utara	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261686	E1	Cina: Henan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261713	E1	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		AP003317	E1	Ras komersial	Nishibori <i>et al.</i> (2003)
Ayam domestik		AY235571	E1	Ras komersial	Froman & Kirby (2005)
Ayam domestik		AP003318	E1	Ras komersial	Nishibori <i>et al.</i> (2003)
Ayam domestik		GU261712	E1	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261709	E1	India	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		AY235570	E1	Ras komersial	Froman & Kirby (2005)
Ayam domestik		AP003580	E1	Ras komersial	Nishibori <i>et al.</i> (2003)
Ayam domestik		GU261694	E1	Cina: Hebei	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		AP003319	E1	Laos: Vientiane	Nishibori <i>et al.</i> (2003)
Ayam domestik		HQ857210	E1	India Utara	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		HQ857209	E2	India Utara	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. murghi</i>		GU261708	E3	India	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		HQ857212	E3	India Utara	Miao <i>et al.</i> (2013)

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Spesies/Subspesies/Breed	Kode sampel	GenBank ID	Haplotype	Lokasi	Pustaka
Ayam domestik		HQ857211	E3	India Utara	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. gallus</i>		GU261691	F	Myanmar	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261702	F	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261688	F	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261711	F	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261689	F	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261703	F	Myanmar	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261717	F	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		DQ648776	F	Cina: Yunnan	Tong <i>et al.</i> (2006)
Ayam domestik		GU261678	G	Cina: Henan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261710	G	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261676	G	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261719	G	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Red junglefowl <i>G. g. spadiceus</i>		GU261690	G	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261715	H	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261706	W	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
AHM <i>G. g. spadiceus</i>		GU261692	X	Cina: Yunnan	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		GU261698	I	Northeast India	Miao <i>et al.</i> (2013)
Ayam domestik		NC_001323		Ras komersial	Desjardins & Morais (1997)

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penerjemahan, atau untuk keperluan pribadi.

2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa



Lampiran 2 Hasil analisis sekuen gen Mx dengan menggunakan program Arlequin (Bab 3)

```

////////////////////////////////////
RUN NUMBER 1 (06/05/15 at 10:00:16)
////////////////////////////////////
Project information:
-----
NbSamples      = 6
DataType       = DNA
GenotypicData  = 0
=====
Settings used for Calculations
=====
General settings:
-----
Deletion Weight      = 1
Transition Weight Weight = 1
Tranversion Weight Weight = 1
Epsilon Value        = 1e-07
Significant digits for output = 5
Use original haplotype definition
Allowed level of missing data = 0.05
Active Tasks:
-----
Standard indices:
-----
Molecular Diversity:
-----
Molecular Distance :Pairwise difference
GammaA Value       = 0
Analysis of Molecular Variance:
-----
No. of Permutations = 1000
Print out inter-haplotypic distance matrix
Population pairwise Fst values:
-----
Compute pairwise differences
Compute coancestry coefficients
Compute Slatkin's distances
No. of permutations for significance = 100
No. of permutations for Mantel test = 1000
Distance matrix:
Compute F-statistics on haplotype frequencies only
Number of usable loci for distance computation : 2401
Allowed level of missing data      : 0.05
List of usable loci :
-----
1  2  3  4  5  6  7  8  9  10 11 12 13 14 15
16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30
31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45
46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60
61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75
76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 89 90
91 92 93 94 95 96 97 98 99 100 101 102 103 104 105
106 107 108 109 110 111 112 113 114 115 116 117 118 119 120
121 122 123 124 125 126 127 128 129 130 131 132 133 134 135
136 137 138 139 140 141 142 143 144 145 146 147 148 149 150
151 152 153 154 155 156 157 158 159 160 161 162 163 164 165
166 167 168 169 170 171 172 173 174 175 176 177 178 179 180
181 182 183 184 185 186 187 188 189 190 191 192 193 194 195
196 197 198 199 200 201 202 203 204 205 206 207 208 209 210
211 212 213 214 215 216 217 218 219 220 221 222 223 224 225

```

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240
241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255
256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270
271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285
286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300
301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315
316	317	318	319	320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330
331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341	342	343	344	345
346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360
361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375
376	377	378	379	380	381	382	383	384	385	386	387	388	389	390
391	392	393	394	395	396	397	398	399	400	401	402	403	404	405
406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420
421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435
436	437	438	439	440	441	442	443	444	445	446	447	448	449	450
451	452	453	454	455	456	457	458	459	460	461	462	463	464	465
466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480
481	482	483	484	485	486	487	488	489	490	491	492	493	494	495
496	497	498	499	500	501	502	503	504	505	506	507	508	509	510
511	512	513	514	515	516	517	518	519	520	521	522	523	524	525
526	527	528	529	530	531	532	533	534	535	536	537	538	539	540
541	542	543	544	545	546	547	548	549	550	551	552	553	554	555
556	557	558	559	560	561	562	563	564	565	566	567	568	569	570
571	572	573	574	575	576	577	578	579	580	581	582	583	584	585
586	587	588	589	590	591	592	593	594	595	596	597	598	599	600
601	602	603	604	605	606	607	608	609	610	611	612	613	614	615
616	617	618	619	620	621	622	623	624	625	626	627	628	629	630
631	632	633	634	635	636	637	638	639	640	641	642	643	644	645
646	647	648	649	650	651	652	653	654	655	656	657	658	659	660
661	662	663	664	665	666	667	668	669	670	671	672	673	674	675
676	677	678	679	680	681	682	683	684	685	686	687	688	689	690
691	692	693	694	695	696	697	698	699	700	701	702	703	704	705
706	707	708	709	710	711	712	713	714	715	716	717	718	719	720
721	722	723	724	725	726	727	728	729	730	731	732	733	734	735
736	737	738	739	740	741	742	743	744	745	746	747	748	749	750
751	752	753	754	755	756	757	758	759	760	761	762	763	764	765
766	767	768	769	770	771	772	773	774	775	776	777	778	779	780
781	782	783	784	785	786	787	788	789	790	791	792	793	794	795
796	797	798	799	800	801	802	803	804	805	806	807	808	809	810
811	812	813	814	815	816	817	818	819	820	821	822	823	824	825
826	827	828	829	830	831	832	833	834	835	836	837	838	839	840
841	842	843	844	845	846	847	848	849	850	851	852	853	854	855
856	857	858	859	860	861	862	863	864	865	866	867	868	869	870
871	872	873	874	875	876	877	878	879	880	881	882	883	884	885
886	887	888	889	890	891	892	893	894	895	896	897	898	899	900
901	902	903	904	905	906	907	908	909	910	911	912	913	914	915
916	917	918	919	920	921	922	923	924	925	926	927	928	929	930
931	932	933	934	935	936	937	938	939	940	941	942	943	944	945
946	947	948	949	950	951	952	953	954	955	956	957	958	959	960
961	962	963	964	965	966	967	968	969	970	971	972	973	974	975
976	977	978	979	980	981	982	983	984	985	986	987	988	989	990
991	992	993	994	995	996	997	998	999	1000	1001	1002	1003	1004	1005
1006	1007	1008	1009	1010	1011	1012	1013	1014	1015	1016	1017	1018	1019	1020
1021	1022	1023	1024	1025	1026	1027	1028	1029	1030	1031	1032	1033	1034	1035
1036	1037	1038	1039	1040	1041	1042	1043	1044	1045	1046	1047	1048	1049	1050
1051	1052	1053	1054	1055	1056	1057	1058	1059	1060	1061	1062	1063	1064	1065
1066	1067	1068	1069	1070	1071	1072	1073	1074	1075	1076	1077	1078	1079	1080
1081	1082	1083	1084	1085	1086	1087	1088	1089	1090	1091	1092	1093	1094	1095
1096	1097	1098	1099	1100	1101	1102	1103	1104	1105	1106	1107	1108	1109	1110
1111	1112	1113	1114	1115	1116	1117	1118	1119	1120	1121	1122	1123	1124	1125
1126	1127	1128	1129	1130	1131	1132	1133	1134	1135	1136	1137	1138	1139	1140
1141	1142	1143	1144	1145	1146	1147	1148	1149	1150	1151	1152	1153	1154	1155
1156	1157	1158	1159	1160	1161	1162	1163	1164	1165	1166	1167	1168	1169	1170
1171	1172	1173	1174	1175	1176	1177	1178	1179	1180	1181	1182	1183	1184	1185

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengemukakan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



1186 1187 1188 1189 1190 1191 1192 1193 1194 1195 1196 1197 1198 1199 1200
 1201 1202 1203 1204 1205 1206 1207 1208 1209 1210 1211 1212 1213 1214 1215
 1216 1217 1218 1219 1220 1221 1222 1223 1224 1225 1226 1227 1228 1229 1230
 1231 1232 1233 1234 1235 1236 1237 1238 1239 1240 1241 1242 1243 1244 1245
 1246 1247 1248 1249 1250 1251 1252 1253 1254 1255 1256 1257 1258 1259 1260
 1261 1262 1263 1264 1265 1266 1267 1268 1269 1270 1271 1272 1273 1274 1275
 1276 1277 1278 1279 1280 1281 1282 1283 1284 1285 1286 1287 1288 1289 1290
 1291 1292 1293 1294 1295 1296 1297 1298 1299 1300 1301 1302 1303 1304 1305
 1306 1307 1308 1309 1310 1311 1312 1313 1314 1315 1316 1317 1318 1319 1320
 1321 1322 1323 1324 1325 1326 1327 1328 1329 1330 1331 1332 1333 1334 1335
 1336 1337 1338 1339 1340 1341 1342 1343 1344 1345 1346 1347 1348 1349 1350
 1351 1352 1353 1354 1355 1356 1357 1358 1359 1360 1361 1362 1363 1364 1365
 1366 1367 1368 1369 1370 1371 1372 1373 1374 1375 1376 1377 1378 1379 1380
 1381 1382 1383 1384 1385 1386 1387 1388 1389 1390 1391 1392 1393 1394 1395
 1396 1397 1398 1399 1400 1401 1402 1403 1404 1405 1406 1407 1408 1409 1410
 1411 1412 1413 1414 1415 1416 1417 1418 1419 1420 1421 1422 1423 1424 1425
 1426 1427 1428 1429 1430 1431 1432 1433 1434 1435 1436 1437 1438 1439 1440
 1441 1442 1443 1444 1445 1446 1447 1448 1449 1450 1451 1452 1453 1454 1455
 1456 1457 1458 1459 1460 1461 1462 1463 1464 1465 1466 1467 1468 1469 1470
 1471 1472 1473 1474 1475 1476 1477 1478 1479 1480 1481 1482 1483 1484 1485
 1486 1487 1488 1489 1490 1491 1492 1493 1494 1495 1496 1497 1498 1499 1500
 1501 1502 1503 1504 1505 1506 1507 1508 1509 1510 1511 1512 1513 1514 1515
 1516 1517 1518 1519 1520 1521 1522 1523 1524 1525 1526 1527 1528 1529 1530
 1531 1532 1533 1534 1535 1536 1537 1538 1539 1540 1541 1542 1543 1544 1545
 1546 1547 1548 1549 1550 1551 1552 1553 1554 1555 1556 1557 1558 1559 1560
 1561 1562 1563 1564 1565 1566 1567 1568 1569 1570 1571 1572 1573 1574 1575
 1576 1577 1578 1579 1580 1581 1582 1583 1584 1585 1586 1587 1588 1589 1590
 1591 1592 1593 1594 1595 1596 1597 1598 1599 1600 1601 1602 1603 1604 1605
 1606 1607 1608 1609 1610 1611 1612 1613 1614 1615 1616 1617 1618 1619 1620
 1621 1622 1623 1624 1625 1626 1627 1628 1629 1630 1631 1632 1633 1634 1635
 1636 1637 1638 1639 1640 1641 1642 1643 1644 1645 1646 1647 1648 1649 1650
 1651 1652 1653 1654 1655 1656 1657 1658 1659 1660 1661 1662 1663 1664 1665
 1666 1667 1668 1669 1670 1671 1672 1673 1674 1675 1676 1677 1678 1679 1680
 1681 1682 1683 1684 1685 1686 1687 1688 1689 1690 1691 1692 1693 1694 1695
 1696 1697 1698 1699 1700 1701 1702 1703 1704 1705 1706 1707 1708 1709 1710
 1711 1712 1713 1714 1715 1716 1717 1718 1719 1720 1721 1722 1723 1724 1725
 1726 1727 1728 1729 1730 1731 1732 1733 1734 1735 1736 1737 1738 1739 1740
 1741 1742 1743 1744 1745 1746 1747 1748 1749 1750 1751 1752 1753 1754 1755
 1756 1757 1758 1759 1760 1761 1762 1763 1764 1765 1766 1767 1768 1769 1770
 1771 1772 1773 1774 1775 1776 1777 1778 1779 1780 1781 1782 1783 1784 1785
 1786 1787 1788 1789 1790 1791 1792 1793 1794 1795 1796 1797 1798 1799 1800
 1801 1802 1803 1804 1805 1806 1807 1808 1809 1810 1811 1812 1813 1814 1815
 1816 1817 1818 1819 1820 1821 1822 1823 1824 1825 1826 1827 1828 1829 1830
 1831 1832 1833 1834 1835 1836 1837 1838 1839 1840 1841 1842 1843 1844 1845
 1846 1847 1848 1849 1850 1851 1852 1853 1854 1855 1856 1857 1858 1859 1860
 1861 1862 1863 1864 1865 1866 1867 1868 1869 1870 1871 1872 1873 1874 1875
 1876 1877 1878 1879 1880 1881 1882 1883 1884 1885 1886 1887 1888 1889 1890
 1891 1892 1893 1894 1895 1896 1897 1898 1899 1900 1901 1902 1903 1904 1905
 1906 1907 1908 1909 1910 1911 1912 1913 1914 1915 1916 1917 1918 1919 1920
 1921 1922 1923 1924 1925 1926 1927 1928 1929 1930 1931 1932 1933 1934 1935
 1936 1937 1938 1939 1940 1941 1942 1943 1944 1945 1946 1947 1948 1949 1950
 1951 1952 1953 1954 1955 1956 1957 1958 1959 1960 1961 1962 1963 1964 1965
 1966 1967 1968 1969 1970 1971 1972 1973 1974 1975 1976 1977 1978 1979 1980
 1981 1982 1983 1984 1985 1986 1987 1988 1989 1990 1991 1992 1993 1994 1995
 1996 1997 1998 1999 2000 2001 2002 2003 2004 2005 2006 2007 2008 2009 2010
 2011 2012 2013 2014 2015 2016 2017 2018 2019 2020 2021 2022 2023 2024 2025
 2026 2027 2028 2029 2030 2031 2032 2033 2034 2035 2036 2037 2038 2039 2040
 2041 2042 2043 2044 2045 2046 2047 2048 2049 2050 2051 2052 2053 2054 2055
 2056 2057 2058 2059 2060 2061 2062 2063 2064 2065 2066 2067 2068 2069 2070
 2071 2072 2073 2074 2075 2076 2077 2078 2079 2080 2081 2082 2083 2084 2085
 2086 2087 2088 2089 2090 2091 2092 2093 2094 2095 2096 2097 2098 2099 2100
 2101 2102 2103 2104 2105 2106 2107 2108 2109 2110 2111 2112 2113 2114 2115
 2116 2117 2118 2119 2120 2121 2122 2123 2124 2125 2126 2127 2128 2129 2130
 2131 2132 2133 2134 2135 2136 2137 2138 2139 2140 2141 2142 2143 2144 2145

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



2146 2147 2148 2149 2150 2151 2152 2153 2154 2155 2156 2157 2158 2159 2160
 2161 2162 2163 2164 2165 2166 2167 2168 2169 2170 2171 2172 2173 2174 2175
 2176 2177 2178 2179 2180 2181 2182 2183 2184 2185 2186 2187 2188 2189 2190
 2191 2192 2193 2194 2195 2196 2197 2198 2199 2200 2201 2202 2203 2204 2205
 2206 2207 2208 2209 2210 2211 2212 2213 2214 2215 2216 2217 2218 2219 2220
 2221 2222 2223 2224 2225 2226 2227 2228 2229 2230 2231 2232 2233 2234 2235
 2236 2237 2238 2239 2240 2241 2242 2243 2244 2245 2246 2247 2248 2249 2250
 2251 2252 2253 2254 2255 2256 2257 2258 2259 2260 2261 2262 2263 2264 2265
 2266 2267 2268 2269 2270 2271 2272 2273 2274 2275 2276 2277 2278 2279 2280
 2281 2282 2283 2284 2285 2286 2287 2288 2289 2290 2291 2292 2293 2294 2295
 2296 2297 2298 2299 2300 2301 2302 2303 2304 2305 2306 2307 2308 2309 2310
 2311 2312 2313 2314 2315 2316 2317 2318 2319 2320 2321 2322 2323 2324 2325
 2326 2327 2328 2329 2330 2331 2332 2333 2334 2335 2336 2337 2338 2339 2340
 2341 2342 2343 2344 2345 2346 2347 2348 2349 2350 2351 2352 2353 2354 2355
 2356 2357 2358 2359 2360 2361 2362 2363 2364 2365 2366 2367 2368 2369 2370
 2371 2372 2373 2374 2375 2376 2377 2378 2379 2380 2381 2382 2383 2384 2385
 2386 2387 2388 2389 2390 2391 2392 2393 2394 2395 2396 2397 2398 2399 2400
 2401

List of loci with too much missing data :

 NONE

== Comparisons of pairs of population samples
 =====

List of labels for population samples used below:

 Label Population name

 1: UC
 2: MC
 3: Liar2
 4: Liar1
 5: HC

Population pairwise FSTs

Computing conventional F-Statistics from haplotype frequencies

	1	2	3	4	5
1	0.00000				
2	0.04090	0.00000			
3	0.13056	0.14470	0.00000		
4	0.10448	0.11730	0.25000	0.00000	
5	0.05821	0.06797	0.15057	0.12263	0.00000

 FST P values

Number of permutations : 1023

	1	2	3	4	5
1	*				
2	0.00000+-0.0000	*			
3	0.00901+-0.0091	0.00000+-0.0000	*		
4	0.00000+-0.0000	0.00000+-0.0000	0.04505+-0.0152	*	
5	0.00000+-0.0000	0.00000+-0.0000	0.00000+-0.0000	0.01802+-0.0121	*

 Matrix of significant Fst P values

Significance Level=0.0500

 Number of permutations : 110

	1	2	3	4	5
1		+	+	+	+
2	+		+	+	+
3	+	+		+	+

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural

```

4   +   +   +   +
5   +   +   +   +
    
```

Population average pairwise differences

Above diagonal : Average number of pairwise differences between populations (PiXY)
 Diagonal elements : Average number of pairwise differences within population (PiX)
 Below diagonal : Corrected average pairwise difference (PiXY-(PiX+PiY)/2)

Computing conventional F-Statistics from haplotype frequencies

	1	2	3	4	5
1	0.95673	0.98545	1.00000	1.00000	0.99857
2	0.04019	0.93380	1.00000	1.00000	0.99697
3	0.18830	0.19977	0.66667	1.00000	1.00000
4	0.12163	0.13310	0.26667	0.80000	1.00000
5	0.05789	0.06775	0.20435	0.13768	0.92464

PXY P value

	1	2	3	4	5
2	0.00000				
3	0.00909	0.00000			
4	0.00000	0.00000	0.04545		
5	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	

Corrected PXY P value

	1	2	3	4	5
2	0.00000				
3	0.00909	0.00000			
4	0.00000	0.00000	0.04545		
5	0.00000	0.00000	0.00000	0.01818	

```

////////////////////////////////////
END OF RUN NUMBER 1 (06/05/15 at 10:01:54)
Total computing time for this run : 0h 1m 38s 94 ms
////////////////////////////////////
    
```



RIWAYAT HIDUP

Penulis bernama Maria Ulfah, dilahirkan di Tulungagung pada tanggal 1 Nopember 1976. Penulis merupakan anak ke-4 dari empat bersaudara pasangan H. Munar Baihaqi dan Hj Ningrum Supiyah. Pendidikan S1 ditempuh penulis di Fakultas Peternakan, Universitas Brawijaya, Malang, Jawa Timur pada tahun 1994-1998. Pendidikan S2 ditempuh penulis pada program Tropical and International Agriculture, Georg August Göttingen University, Jerman pada periode tahun 2001-2003. Pada tahun 2011, penulis diterima di Program Studi Biosains, Sekolah Pasca Sarjana, IPB melalui program beasiswa BPPS, Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan Republik Indonesia. Penulis juga merupakan dosen aktif di Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan, Fakultas Peternakan, IPB sejak tahun 2009 sampai saat ini.

Tiga (3) artikel ilmiah sebagai bagian dari disertasi ini telah dipublikasikan oleh penulis dalam jurnal internasional, yaitu: (1). Ulfah M, Perwitasari D, Jakaria, Muladno, Farajallah A. 2015. Multiple maternal origins of Indonesian crowing chickens revealed by mitochondrial DNA analysis. *Mitochon. DNA*. DOI: 10.1093/19401736.2015.1118069, (2). Ulfah M, Perwitasari D, Jakaria, Muladno, Farajallah A. 2015. Breed determination of Indonesian local chickens based on matrilineal evolution analysis. *Intern. J. Poult. Sci.* 14(11):615-621, dan (3). Ulfah M, Perwitasari D, Jakaria, Muladno, Farajallah A. (dalam review). Breeding history and evolution of Myxovirus (mx) Resistance gene in Indonesian local chickens. BIOTROPIA.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.