

Pendugaan Jarak Genetik Kelinci Melalui Analisis Morfometrik

B. BRAHMANTIYO¹, H. MARTOJO², S.S. MANSJOER², dan Y.C. RAHARJO¹

¹Balai Penelitian Ternak, PO Box 221 Bogor 16002

²Fakultas Peternakan, Institut Pertanian Bogor, Jl. Agathis Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680

(Diterima dewan redaksi 19 Mei 2006)

ABSTRACT

BRAHMANTIYO, B., H. MARTOJO, S.S. MANJOER dan Y.C. RAHARJO. 2006. Estimation of genetic distance of rabbit by morphometric analysis. *JITV* 11(3): 206-214.

The observation on morphological body conformation of English Spot (ES), Flemish Giant (FG), New Zealand White (NZW^m), and Rex (Rex^m) from Magelang, Central Java, and New Zealand White (NZW^b), Rex (Rex^b), Satin (Satin) and RS (RS) from Balitnak-Ciawi, were carried out to determine estimation of Mahalanobis genetic distance. This research was held in Magelang (Central Java) and Balitnak-Ciawi (West Java), 237 heads of rabbits were used. Eleven different body parts measured were head (length and width), ear (length and width), chest (girth, depth, and width), humerus length, radius-ulna length, tibia length and body length. General Linear Models were used in this observation (SAS package program). Simple discriminant analyses as further analyses were done for head (length and width), chest (girth, depth, and width), humerus length, radius-ulna length, tibia length and body length. ES, FG and NZW^m rabbits had bigger morphological size than the others. Mahalanobis genetic distance showed that NZW^m was different from NZW^b, and Rex^m was different from Rex^b with genetic distances of 5.89139 and 6.75571 respectively. Rabbits from Magelang was different from that from Balitnak on morphometric with mahalanobis distance of 4.89426 to 6.96749. Results of canonical analysis showed that the most discriminant variables were obtained by chest girth, chest width and humerus length for first canonical and head length for second canonical.

Key Words: Rabbit, Genetic Distance, Morphometric

ABSTRAK

BRAHMANTIYO, B., H. MARTOJO, S.S. MANSJOER dan Y.C. RAHARJO, 2006. Pendugaan jarak genetik kelinci melalui analisis morfometrik. *JITV* 11(3): 206-214.

Penelitian mengenai konformasi tubuh kelinci English Spot (ES), Flemish Giant (FG), New Zealand White (NZW^m) dan Rex (Rex^m) asal Magelang, Jawa Tengah dan New Zealand White (NZW^b), Rex (Rex^b), Satin dan RS asal Balitnak-Ciawi dilakukan untuk mengetahui dan menduga jarak genetik *mahalanobis* di antara rumpun kelinci. Penelitian ini dilakukan di Magelang (Jawa Tengah) dan Balitnak-Ciawi (Jawa Barat) menggunakan 237 ekor kelinci. Pengambilan data dilakukan pada kepala (panjang dan lebar), telinga (panjang dan lebar), dada (lingkar, dalam dan lebar), panjang tulang humerus, panjang tulang radius-ulna, panjang tulang tibia dan panjang badan. Kelinci ES, FG dan NZW^m secara umum memiliki ukuran tubuh yang lebih besar dibandingkan bangsa kelinci lainnya. Jarak genetik mahalanobis antara kelinci NZW^m dan NZW^b, dan kelinci Rex^m dan Rex^b cukup jauh, berturut-turut sebesar 5,89139 dan 6,75571. Kelinci yang berasal dari Magelang dan dari Balitnak memiliki ukuran tubuh yang berbeda dengan jarak genetik mahalanobis berkisar dari 4,89426 sampai 6,96749. Hasil analisis kanonik memperlihatkan bahwa peubah pembebasan ukuran tubuh kelinci adalah lingkar dada, lebar dada dan panjang tulang humerus pada kanonik pertama dan panjang kepala pada kanonik kedua.

Kata Kunci: Kelinci, Jarak Genetik, Morfometrik

PENDAHULUAN

Kelinci, secara umum, memiliki potensi biologis dan ekonomi yang tinggi untuk menghasilkan daging dan kulit-rambut bermutu, terutama jenis Rex dan Satin, yang juga untuk tujuan kesayangan/hias (CHEEKE *et al.*, 1987; RAHARJO, 1988; RAHARJO, 2001). Salah satu potensi yang menonjol dalam hubungannya dengan peternakan rakyat adalah kelinci mampu tumbuh dan berkembang biak dari hijauan, limbah pertanian dan limbah pangan serta dapat dipelihara pada skala rumah tangga/skala kecil. Semakin dikenalnya usaha beternak

kelinci, baik melalui percontohan, promosi atau penyampaian informasi, menyebabkan makin meningkatnya minat beternak di kalangan peternak, meskipun jumlahnya terbatas dan tujuan pemeliharaannya beragam.

Kelinci yang ada dan banyak dibudidayakan di Indonesia, kecuali jenis *Sylvilagus* yang berasal dari Sumatera, adalah kelinci-kelinci impor dari berbagai negara di Eropa dan Amerika. Saat ini sulit diperoleh kelinci-kelinci dari turunan murni, karena kelinci yang ada telah merupakan silangan dari berbagai jenis. Selain itu, dengan adaptasi di daerah tropik, kinerja yang

dihasilkan sangat berbeda dari turunan murninya. Oleh karena itu, diperlukan informasi mengenai inventarisasi dan karakterisasi dari berbagai rumpun yang telah ada.

Secara umum kelinci dikembangkan sesuai dengan tujuan produksi, yaitu sebagai penghasil daging (New Zealand White, Flemish Giant dan Californian), daging dan kulit-rambut (Rex dan Satin) serta hias (Hotot, Dwarf, Lop, dan Lion). Peternak kelinci di Kabupaten Magelang banyak mengembangkan kelinci sebagai penghasil daging, diantaranya adalah Flemish Giant, English Spot, dan New Zealand White.

Karakterisasi rumpun-rumpun kelinci dibutuhkan sebagai dasar pemuliaan untuk membentuk kelinci dengan produktivitas tinggi dan mampu beradaptasi dengan lingkungan tropis. Karakterisasi rumpun-rumpun kelinci dapat dilakukan melalui pengukuran pertulangan, protein darah dan juga analisa molekuler. Pengukuran 20 ukuran tulang cranium, mandibula dan gigi-geligi dilakukan oleh TAYLOR *et al.* (1977) untuk menganalisa jarak genetik kelinci yang berasal dari delapan wilayah di Australia. Diperoleh hasil bahwa semakin jauh dan terisolasi populasi ternak kelinci, maka semakin jauh jarak genetiknya. Sementara itu, ZHU *et al.* (2004) menggunakan lima lokus mikrosatelit (Sat3, Sat4, Sat7, Sat8 and Sat12) untuk menganalisa keragaman genetik diantara 5 (lima) bangsa atau populasi kelinci. Hasil pengelompokkan yang menggambarkan hubungan antarpopulasi, hubungan antar populasi terdekat adalah populasi kelinci Rex Vc-I dan Rex Vc-II, diikuti oleh populasi JAW, populasi QZL dan populasi NZW, hal ini menjelaskan riwayat pembibitan kelinci Rex Vc di China. Ditambahkan NEI (1987) bahwa jarak genetik merupakan tingkat perbedaan gen (perbedaan genom) di antara suatu populasi atau spesies.

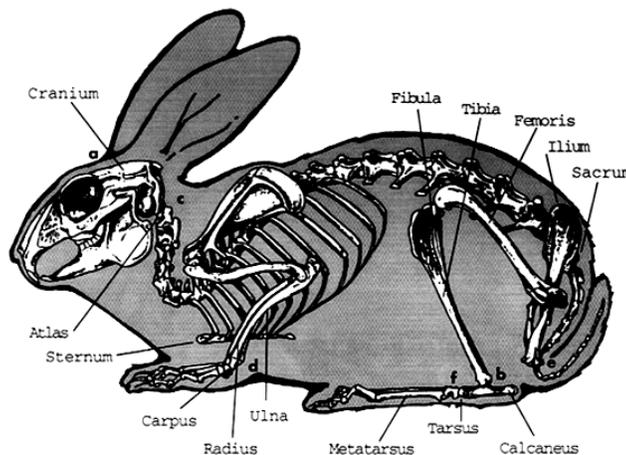
Penelitian ini bertujuan untuk memberikan informasi tambahan mengenai karakteristik khusus

berdasarkan ukuran tubuh pada kelinci English Spot, Flemish Giant, New Zealand White, Rex, Satin dan RS, menentukan jarak genetik, pembuatan pohon fenogram dan mengetahui faktor peubah pembeda rumpun kelinci. Hasilnya diharapkan dapat menjadi sumber informasi dasar bagi penentuan kebijakan pengembangan rumpun kelinci. Hipotesa yang dikembangkan adalah adanya perbedaan genetik yang diekspresikan secara fenotipik ukuran tubuh karena adanya pengaruh lingkungan perkembangbiakan yang berbeda.

MATERI DAN METODE

Pengumpulan data ukuran tubuh kelinci English Spot (ES), Flemish Giant (FG), New Zealand White (NZW), dan Rex diperoleh dari daerah Magelang, Jawa Tengah. Data ukuran tubuh juga diperoleh dari Balitnak, Ciawi untuk kelinci Rex, Satin, NZW, dan Reza. Kelinci yang berasal dari Magelang berjumlah 40 ekor kelinci ES, 40 ekor kelinci FG, 40 ekor kelinci Rex dan 26 ekor kelinci NZW. Adapun kelinci yang berasal dari Balitnak Ciawi, berjumlah 23 ekor kelinci NZW, 25 ekor kelinci Rex, 22 ekor kelinci Satin dan 21 ekor kelinci Reza. Data diperoleh dari kelinci jantan dan betina yang berumur 12 bulan dan digabungkan karena menurut TAYLOR *et al.* (1977) tidak terdapat *sexual-dimorphism*. Digunakan alat ukur yang terdiri atas meteran kain berskala terkecil 1 mm dan jangka sorong berskala 15 cm dengan skala terkecil 0,01mm.

Peubah fenotipik yang diamati (Gambar 1) dalam analisis meliputi panjang kepala (cm), lebar kepala (cm), panjang telinga (cm), lebar telinga (cm), lingkaran dada (cm), dalam dada (cm), lebar dada (cm), panjang tulang humerus (cm), panjang tulang hasta (radius-ulna, cm), panjang tulang tibia (cm) dan panjang badan (cm).



Gambar 1. Kerangka tubuh kelinci

Perbedaan ukuran dari bagian tubuh yang diamati dianalisis dengan menggunakan *General Linear Models* (GLM) menurut *Statistics Analytical System* (SAS, 1985). Analisis lebih lanjut hanya dilakukan pada ukuran kepala, dada, tulang kaki depan dan belakang, serta panjang badan karena ukuran ini lebih permanen dibandingkan ukuran telinga (panjang dan lebar) dapat berubah akibat lingkungan temporer. Fungsi diskriminan yang digunakan melalui pendekatan Mahalanobis seperti dijelaskan oleh NEI (1987) dengan matrik ragam peragam antara peubah dari masing-masing rumpun yang diamati digabung (*pooled*) menjadi sebuah matriks. Matriks hasil penggabungan dapat dijelaskan ke dalam bentuk:

$$C = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & \dots & C_{1p} \\ C_{21} & C_{22} & \dots & C_{2p} \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot \\ C_{p1} & C_{p2} & \dots & C_{pp} \end{bmatrix}$$

Untuk mendapatkan jarak kuadrat genetik minimum digunakan rumus seperti tertera di bawah ini, sesuai dengan petunjuk NEI (1987):

$$D^2_{(i/j)} = (\bar{X}_i - \bar{X}_j)' C^{-1} (\bar{X}_i - \bar{X}_j)$$

- dengan:
- $D^2_{(i/j)}$ = nilai statistik Mahalanobis sebagai ukuran jarak kuadrat genetik antar dua rumpun (antara rumpun i terhadap rumpun j),
 - C^{-1} = kebalikan matriks gabungan ragam peragam antar peubah,
 - \bar{X}_i = vektor nilai rata-rata pengamatan dari rumpun kelinci i pada masing-masing peubah, dan
 - \bar{X}_j = vektor nilai rata-rata pengamatan dari rumpun kelinci ke j pada masing-masing peubah.

Untuk membantu analisis statistik Mahalanobis digunakan paket program statistik SAS ver 6.12 (SAS, 1985) dengan menggunakan prosedur PROC DISCRIM. Dari hasil perhitungan jarak kuadrat tersebut kemudian dilakukan pengakaran terhadap hasil jarak genetik yang diperoleh. Hasil pengakaran terhadap hasil jarak genetik dianalisis menggunakan program software MEGA2 seperti petunjuk KUMAR *et al.* (2001) untuk memperoleh pohon fenogram. Teknik pembuatan pohon fenogram dilakukan dengan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic*) dengan asumsi bahwa laju evolusi antar kelompok adalah sama. Analisis *canonical* dilakukan untuk menentukan peta penyebaran kelinci dan nilai kesamaan dan campuran di dalam dan di antara kelompok kelinci. Analisis ini juga

dipakai untuk menentukan beberapa peubah yang memiliki pengaruh kuat terhadap terjadinya pengelompokan rumpun (pembeda rumpun). Prosedur analisis menggunakan PROC CANDISK (SAS, 1985).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keadaan umum lokasi penelitian

Balai Penelitian Ternak (Balitnak) merupakan instansi pemerintah yang turut berperan dalam penelitian pengembangan ternak kelinci di Indonesia. Kondisi geografis Balitnak adalah memiliki ketinggian 500 m dpl dengan rata-rata curah hujan tahunan mencapai 3500-4000 mm. Balitnak menempati lahan seluas 24 ha yang terletak di Desa Banjar Waru, Kecamatan Ciawi, Kabupaten Bogor. Kelinci Satin didatangkan pertama kali ke Indonesia (Balitnak-Ciawi) dari Amerika Serikat pada bulan Agustus 1996 (PRASETYO, 1999). Pada tahun 1999, Balai Penelitian Ternak, Ciawi menyilangkan kelinci Rex yang memiliki rambut halus dan Satin yang memiliki rambut mengkilap untuk menghasilkan kelinci persilangan yang berambut halus dan mengkilap. Kelinci hasil persilangan antara kelinci Rex dan Satin dinamakan kelinci RS. PRASETYO (1999) mencoba membentuk kelinci RS dengan harapan diperoleh kelinci yang memiliki kulit rambut yang halus kilap yang merupakan perpaduan gen halus dari kelinci Rex (rr) dan rambut yang mengkilap dari kelinci Satin (s_as_a).

Beternak kelinci secara umum sudah mulai dikembangkan sejak tahun 1912 oleh orang Belanda dengan mendatangkan kelinci dari India dan Ceylon, tetapi baru 10 tahun terakhir ini mulai terlihat adanya kemajuan terutama di Jawa (SITORUS *et al.*, 1982). Ditambahkan bahwa beberapa jenis kelinci ras seperti Vlaamse Reus, Blauwe Winder, Californian, Yamamoto, New Zealand White dan Angora telah populer di kalangan peternak di Jawa. Kelinci yang berkembang di Magelang saat ini menurut ACHDIJATI dan HAMIDJOJO (1984) disuplai dari *Breeder* Sugis dari Lembang, Jawa Barat, atas kerjasama dengan Dinas Peternakan setempat. Kabupaten Magelang merupakan daerah yang subur dengan rata-rata curah hujan tahunan mencapai 1.915 mm, bulan hujan dari bulan November sampai dengan April. Populasi kelinci yang menyebar di 21 kecamatan mencapai 5.855 ekor dan merupakan potensi yang belum digali pemanfaatannya sebagai penghasil daging, kulit, dan pupuk organik (BPS dan PEMDA KABUPATEN MAGELANG, 2004). Berdasarkan data yang dilakukan oleh Perhimpunan Peternak Kelinci Magelang (PPKM), jumlah peternak dan populasi kelinci pada bulan Maret 2006 sejumlah 1.841 orang peternak dan 22.399 ekor kelinci (WIDODO, 2006).

Karakteristik ukuran tubuh

Hasil perhitungan uji LSM (*Least Squares Means*) kelinci penelitian disajikan pada Tabel 1. Data ukuran tubuh hanya memberikan informasi mengenai perbedaan dan persamaan pada ukuran panjang kepala, lebar kepala, panjang telinga, lebar telinga, lingkaran dada, dalam dada, lebar dada, panjang tulang humerus, panjang tulang radius-ulna, panjang tulang tibia, dan panjang badan.

Kelinci ES, FG dan NZW yang berasal dari Magelang memiliki ukuran kepala (panjang dan lebar), telinga (panjang dan lebar), panjang tulang radius-ulna dan panjang badan yang lebih besar dari kelinci Rex dan kelinci yang dipelihara di Balitnak (Rex, Satin, RS dan NZW). Adapun ukuran dada (lingkar, dalam dan lebar) dan panjang tulang humerus pada kelinci yang berasal dari Magelang lebih rendah dibandingkan dengan kelinci yang berasal dari Balitnak.

Ukuran-ukuran tubuh tersebut memperlihatkan bentuk tubuh yang relatif lebih panjang dan besar dengan dada yang terlihat sempit untuk kelinci ES, FG dan NZW di Kabupaten Magelang dibandingkan kelinci Rex, Satin, RS dan NZW dari Balitnak. Sehingga

kelinci ES, FG dan NZW meskipun berpenampilan tubuh besar tetapi terlihat kurus dan ramping. Berbeda dengan kelinci Rex, Satin, RS dan NZW yang memiliki ukuran dada dan panjang tulang humerus yang lebih besar memberikan penampilan yang kompak dan proporsional sehingga terlihat gemuk dan per dagingan yang padat.

Di Kabupaten Magelang, permintaan kelinci hidup dan dagingnya sangat tinggi untuk diolah sebagai sate, tongsseng dan dendeng kelinci. Pasar produk kelinci berupa warung makan banyak tersebar di Kota dan Kabupaten Magelang serta kota sekitar seperti Yogyakarta, Semarang dan Jepara. Dengan adanya permintaan tersebut mendorong peternak membudidayakan kelinci untuk diperjualbelikan sebagai penghasil daging, sehingga kelinci yang memiliki ukuran tubuh besar seperti ES, FG dan NZW sangat disukai. Sementara itu, di Balitnak, pemeliharaan kelinci Rex, Satin dan RS ditujukan sebagai penghasil kulit-rambut dan juga daging (*dual purpose*) dan kelinci NZW sebagai kelinci penghasil daging dan hewan penelitian.

Tabel 1. Perbedaan ukuran peubah yang diamati pada kelinci di Magelang dan Balitnak

Peubah	English Spot ^m	Flemish Giant ^m	New Zealand White ^m	New Zealand White ^b	Rex ^m	Rex ^b	Satin ^b	Reza ^b
Panjang kepala	12,96 ^a	12,82 ^{ab}	12,28 ^b	12,47 ^{ab}	10,84 ^d	11,60 ^c	11,72 ^c	10,71 ^d
Lebar kepala	5,00 ^a	5,06 ^a	4,67 ^b	4,83 ^{ab}	4,67 ^b	4,88 ^{ab}	4,68 ^b	4,64 ^b
Panjang telinga	15,42 ^a	15,23 ^a	15,03 ^a	11,21 ^b	11,22 ^b	10,18 ^c	10,70 ^{bc}	10,69 ^{bc}
Lebar telinga	7,98 ^a	7,68 ^a	7,65 ^a	6,69 ^b	6,19 ^{cd}	6,26 ^c	6,37 ^{bc}	5,88 ^d
Lingkar dada	28,80 ^c	28,25 ^c	28,65 ^c	37,82 ^a	27,80 ^c	38,16 ^a	35,86 ^b	38,00 ^a
Dalam dada	7,01 ^b	7,22 ^b	7,43 ^b	8,43 ^a	6,86 ^b	8,78 ^a	8,83 ^a	8,26 ^a
Lebar dada	6,42 ^c	6,40 ^c	6,23 ^c	7,82 ^a	5,94 ^c	8,23 ^a	7,92 ^a	7,26 ^b
Humerus	6,91 ^{de}	6,78 ^{de}	7,09 ^{cd}	8,95 ^a	6,54 ^e	9,12 ^a	7,81 ^b	7,45 ^{bc}
Radius-Ulna	7,15 ^a	6,73 ^{ab}	7,03 ^{ab}	5,43 ^c	6,65 ^b	5,04 ^c	5,15 ^c	5,02 ^c
Tibia	11,10 ^{cd}	11,09 ^{cd}	10,80 ^d	13,71 ^a	10,05 ^e	12,48 ^b	11,54 ^c	11,23 ^{cd}
Panjang badan	42,78 ^a	42,18 ^a	40,86 ^a	38,91 ^b	35,28 ^c	35,08 ^c	33,90 ^c	35,38 ^c

Keterangan: Huruf yang berbeda pada satu baris, berbeda nyata ($P < 0,05$)

^m = Magelang

^b = Balitnak

Analisis diskriminan pada kelinci

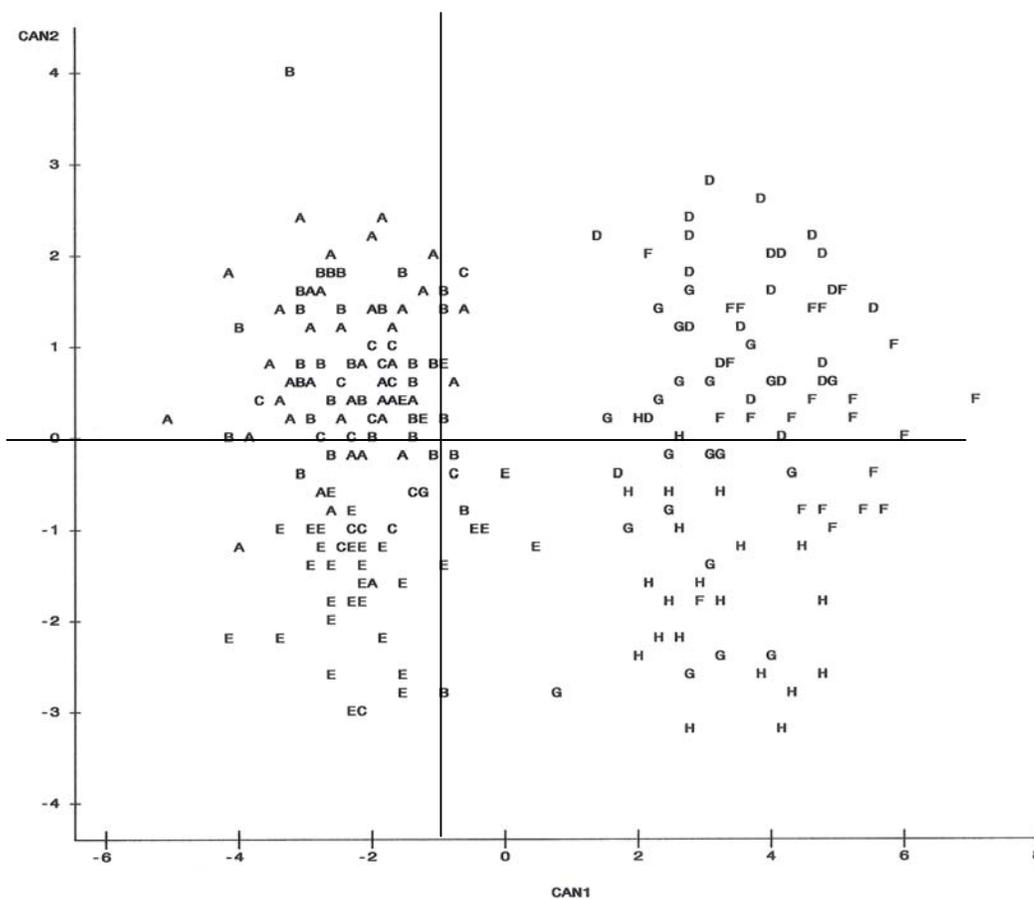
Hasil analisis lanjutan pada kelinci di Magelang dan Balitnak menunjukkan bahwa secara morfologis tampak adanya garis pemisah di antara rumpun kelinci (Gambar 2). Berdasarkan gambar tersebut, terjadi pengelompokan kelinci berdasarkan daerah

pengembangan, yaitu kelinci yang berasal dari Magelang (New Zealand White dan Rex) berada di sebelah kiri axis Y dan kelinci yang berasal dari Balitnak (New Zealand White dan Rex) berada di sebelah kanan axis Y. Semua kelinci menyebar merata di bagian atas dan bawah axis X.

Terdapat banyak kesamaan bentuk dan ukuran tubuh dari kelompok kelinci yang berasal dari Magelang (English Spot, Flemish Giant, dan New Zealand White), begitu pula pada kelompok kelinci yang berasal dari Balitnak (Rex, Satin, RS) artinya secara morfologis bahwa hubungan genetik di antara rumpun pada suatu daerah tersebut cukup dekat, sehingga terjadi banyak tingkat kesamaan dari peubah yang diamati. Terlihat bahwa kelompok kelinci yang dikembangkan di Magelang sangat berbeda dengan kelompok kelinci yang di Balitnak. Hasil ini sesuai dengan pendapat TAYLOR *et al.* (1977) yang menerangkan bahwa jarak yang memisahkan suatu wilayah sangat mempengaruhi

karakteristik morfometrik populasi kelinci yang berkembang di antara wilayah tersebut, semakin jauh jaraknya semakin berbeda karakteristik morfometriknya.

Dari hasil analisis fungsi diskriminan terhadap ukuran-ukuran tubuh antar rumpun kelinci menghasilkan pengelompokan berdasarkan persentase nilai kesamaan dan campuran di dalam rumpun dan antar rumpun sebagaimana disajikan pada Tabel 2. Dari Tabel 2 terlihat bahwa kesamaan ukuran fenotipik yang rendah dalam rumpun kelinci English Spot (5,00%), Flemish Giant (47,50%), New Zealand White Balitnak



Gambar 2. Penyebaran rumpun kelinci menurut ukuran fenotipik, kelinci ES (A), FG (B), NZW^m (C), NZW^b (D), Rex^m (E), Rex^b (F), Satin (G) dan RS (H)

(52,17%), Satin (45,45%) dan RS (38,10%), yang nilai selebihnya adalah dipengaruhi oleh adanya campuran antar rumpun. Ukuran fenotipik yang tinggi dalam rumpun terdapat pada kelinci New Zealand White Magelang (73,08%), Rex Magelang (65,00%) dan Rex Balitnak (84%). Proporsi nilai campuran hanya terdapat

pada rumpun kelinci yang berasal dari wilayah yang sama.

Berdasarkan hasil tersebut diduga adanya nilai kesamaan pada suatu kelompok dengan kemungkinan besarnya nilai proporsi nilai campuran yang mempengaruhi kesamaan satu jenis dengan jenis

lainnya yang didasarkan atas persamaan ukuran tubuh. Hal ini mengindikasikan bahwa antar rumpun kelinci pada wilayah yang sama cenderung memiliki kesamaan morfologi.

Persamaan fenotipik ukuran tubuh berbagai rumpun kelinci merupakan cerminan dari besarnya campuran kelompok antar rumpun yang terjadi baik oleh adanya mutasi hasil rekayasa peternak maupun yang terjadi secara alamiah (SUPARYANTO *et al.*, 1999).

Ukuran fenotipik kelinci di masing-masing wilayah hanya dipengaruhi oleh rumpun kelinci yang berada di wilayah tersebut. Hal ini diduga karena tidak terjadi pertukaran di antara kedua wilayah tersebut. Adapun campuran rumpun lain terhadap suatu rumpun kelinci dapat disebabkan persilangan, baik dikarenakan ketiadaan rumpun kelinci yang sejenis atau mengharapkan keunggulan dengan munculnya sifat heterosis akibat gen-gen yang berkomplemen. Menurut

LUKEFAHR dan CHEEKE (1990) persilangan yang terjadi di negara berkembang beriklim tropis karena mengharapkan adanya heterosis penampilan sesuai keinginan yang merupakan gabungan beberapa jenis kelinci dan memiliki kemampuan fisiologis untuk beradaptasi terhadap lingkungan.

Analisis jarak genetik

Jarak genetik merupakan tingkat perbedaan gen di antara populasi atau spesies (NEI, 1987). Dalam memahami proses evolusi genetik suatu rumpun ternak, penelitian tentang karakter genetik telah banyak dilakukan dengan pendekatan analisis morfometrik (TAYLOR *et al.*, 1977) dan analisis DNA (ZHU *et al.*, 2004). Nilai matrik jarak genetik antara masing-masing rumpun kelinci disajikan pada Tabel 3. Nilai matrik

Tabel 2. Persentase nilai kesamaan dan campuran di dalam dan antar rumpun kelinci

Rumpun		ES	FG	NZW ^m	NZW ^b	Rex ^m	Rex ^b	Satin	RS	Total
ES	n	2	15	20	0	3	0	0	0	40
	%	5,00	37,50	50,00	0,00	7,50	0,00	0,00	0,00	100,00
FG	n	2	19	18	0	1	0	0	0	40
	%	5,00	47,50	45,00	0,00	2,50	0,00	0,00	0,00	100,00
NZW ^m	n	0	4	19	0	3	0	0	0	26
	%	0,00	15,38	73,08	0,00	11,54	0,00	0,00	0,00	100,00
NZW ^b	n	0	0	0	12	0	10	1	0	23
	%	0,00	0,00	0,00	52,17	0,00	43,48	4,35	0,00	100,00
Rex ^m	n	0	1	13	0	26	0	0	0	40
	%	0,00	2,50	32,50	0,00	65,00	0,00	0,00	0,00	100,00
Rex ^b	n	0	0	0	1	0	21	2	1	25
	%	0,00	0,00	0,00	4,00	0,00	84,00	8,00	4,00	100,00
Satin	n	0	0	1	2	0	9	10	0	22
	%	0,00	0,00	4,55	9,09	0,00	40,91	45,45	0,00	100,00
RS	n	0	0	0	0	0	4	9	8	21
	%	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	19,05	42,86	38,10	100,00
Total	n	4	39	71	15	33	44	22	9	237
	%	1,69	16,46	29,96	6,33	13,92	18,57	9,28	3,80	100,00

n = sampel, ^m = Magelang, ^b = Balitnak, ES = English Spot, FG = Flemish Giant, NZW = New Zealand White, RS = Persilangan Rex dan Satin.

jarak genetik ini digunakan untuk membuat konstruksi pohon fenogram seperti yang disajikan pada Gambar 3. Pohon fenogram menggambarkan jarak genetik keseluruhan rumpun kelinci.

Berdasarkan nilai jarak genetiknya, kelinci-kelinci yang berasal dari Magelang memiliki nilai jarak genetik

yang kecil di antara rumpun, masing-masing sebesar 0,63416 (ES-FG), 1,18191 (ES-NZW^m), 2,89715 (ES-Rex^m), 1,14730 (FG-NZW^m), 2,68643 (FG-Rex^m) dan 2,03481 (NZW^m-Rex^m). Begitu pula dengan kelinci yang berasal dari Balitnak, yaitu masing-masing sebesar 1,93800 (NZW^b-Rex^b), 2,61792 (NZW^b-Satin), 3,17606

(NZW^b-RS), 2,21582 (Rex^b-Satin), 2,276784 (Rex^b-RS) dan 1,98507 (Satin-RS). Adapun jarak genetik antar wilayah sangat besar, yaitu berkisar antara 5.25190 (Rex^m-Satin) sampai 7,51063 (ES-Rex^b). Hasil ini sangat mendukung peta penyebaran rumpun kelinci (Gambar 1), dimana rumpun kelinci mengelompok berdasarkan wilayah penyebaran, yaitu Magelang dan Balitnak.

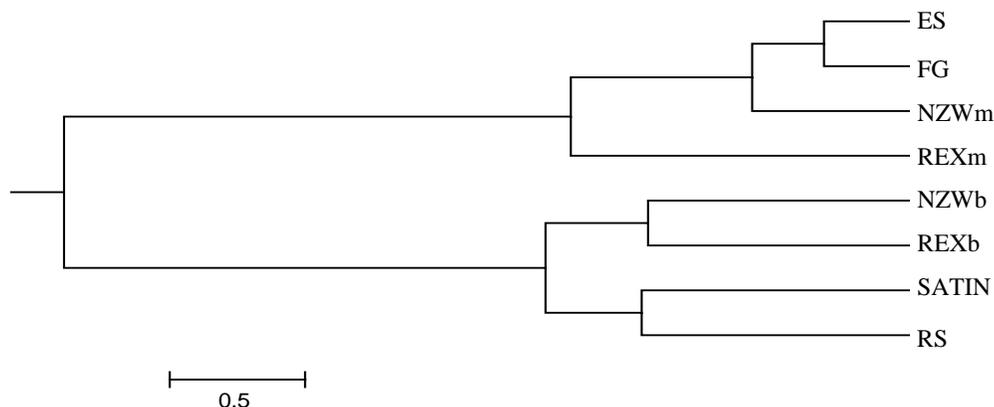
Konstruksi pohon fenogram menunjukkan bahwa kelinci ES dan FG memiliki ukuran jarak genetik yang cukup dekat (0,63106), berdasarkan nilai ini persilangan antara rumpun kelinci ES dan FG tidak akan

mendapatkan kemajuan ukuran kuantitatif yang mengesankan apabila tidak disertai dengan seleksi yang ketat. Hal ini disebabkan sifat heterosis yang didapat hanya berasal dari keragaman dalam rumpun. Untuk rumpun kelinci yang lain masih dapat diharapkan adanya peningkatan ukuran tubuh dikarenakan cukup jauhnya jarak genetik tersebut. Jarak genetik yang terjauh terdapat pada kelinci Rex^b dan kelinci ES, yaitu sejauh 6,96749. Secara umum kelinci dari Balitnak memiliki jarak genetik yang jauh dengan kelinci yang berasal dari Magelang.

Tabel 3. Matrik jarak genetik mahalanobis kelinci di Magelang dengan kelinci di Balitnak

Rumpun	ES	FG	NZW ^m	NZW ^b	Rex ^m	Rex ^b	Satin	RS
ES		0,63106	1,08744	6,16218	2,30937	6,96749	5,35021	6,07806
FG			1,08059	5,93191	2,21681	6,71421	5,07849	5,84157
NZW ^m				5,89139	1,69098	6,57295	4,89426	5,61904
NZW ^b					6,37094	1,72604	2,39461	3,32332
Rex ^m						6,75571	5,06693	5,38507
Rex ^b							2,20911	2,85719
Satin								2,06171
RS								

^m = Magelang, ^b = Balitnak, ES = English Spot, FG = Flemish Giant, NZW = New Zealand White, RS = Persilangan Rex dan Satin



^m = Magelang, ^b = Balitnak, ES = English Spot, FG = Flemish Giant, NZW = New Zealand White, RS = Persilangan Rex dan Satin.

Gambar 3. Pohon fenogram dari delapan rumpun kelinci

Kelinci-kelinci di Magelang memiliki jarak genetik yang cukup dekat pada kelinci English Spot dan Flemish Giant (0,63106), English Spot dan New Zealand White (1,08744), dan Flemish Giant dan New Zealand White (1,08059). Jarak genetik mahalanobis kelinci English Spot, Flemish Giant dan New Zealand

White ini cukup jauh dengan kelinci Rex, masing-masing berjarak sebesar 2,30937, 2,21681 dan 1,69098. Namun keempat rumpun kelinci ini masih berada dalam kelompok yang sama dengan jarak genetik cukup jauh dengan kelinci yang berasal dari Balitnak.

Semakin jelas bahwa kelinci yang dikembangkan di masing-masing wilayah sangat berbeda fenotipiknya. Perbedaan ini menjelaskan belum adanya mutasi atau pertukaran ternak di dua wilayah tersebut dan adanya jarak pemisah sekitar 450 km. Adanya perbedaan ini mendorong penggalian informasi karakteristik produksi, kemampuan adaptasi, dan ketahanan terhadap penyakit pada masing-masing rumpun kelinci bagi penentuan kebijakan pengembangan ternak kelinci di Magelang maupun di Indonesia.

Analisis kanonik

Analisis kanonik digunakan untuk menentukan faktor pembeda di antara rumpun kelinci. Hasil analisis kanonik diperoleh keragaman total ukuran-ukuran tubuh untuk komponen pertama sebesar 85,47% dan komponen utama kedua sebesar 10,13% dengan struktur total kanonik yang disajikan pada Tabel 4. Terlihat bahwa hanya pada kanonik satu yang mempunyai korelasi cukup tinggi antara skor komponen utama dengan peubah ukuran-ukuran tubuh.

Tabel 4. Total struktur kanonik

Ukuran morfometrik	Can1	Can2
Panjang kepala (cm)	-0,233983	0,839987
Lebar kepala (cm)	-0,095945	0,328027
Lingkar dada (cm)	0,896629	0,026437
Dalam dada (cm)	0,568317	0,079414
Lebar dada (cm)	0,707511	0,231842
Panjang tulang humerus (cm)	0,704953	0,374021
Panjang tulang radius-ulna (cm)	-0,751760	0,185212
Panjang tulang tibia (cm)	0,519726	0,563901
Panjang badan (cm)	-0,039142	0,010229
Keragaman total	85,47%	10,13%

Pada Tabel 4 tampak bahwa lingkar dada (0,896629), lebar dada (0,707511), dan panjang tulang humerus (0,704953) pada kanonik kesatu dan panjang kepala (0,839987) pada kanonik kedua yang dapat dipergunakan sebagai peubah pembeda dari kelinci English Spot, Flemish Giant, New Zealand White Magelang, Rex Magelang, New Zealand White Balitnak, Rex Balitnak, Satin dan RS dengan nilai total struktur kanonik positif yang relatif tinggi.

KESIMPULAN

Ukuran fenotipik kelinci yang berasal dari Magelang berbeda dengan kelinci yang berasal dari Balitnak, berdasarkan nilai campuran dalam

rumpunnya, kelinci dari Magelang tidak tercampur kelinci dari Balitnak. Adanya pencampuran di antara rumpun pada kelinci English Spot, Flemish Giant dan New Zealand White di Magelang memperlihatkan adanya persilangan di antara ketiga rumpun kelinci tersebut. Persilangan terjadi karena ketiadaan rumpun kelinci yang sejenis atau mengharapkan keunggulan dengan munculnya sifat heterosis akibat gen-gen yang berkomplemen. Adanya campuran di antara ketiga rumpun kelinci yang dipelihara di Balitnak karena kelinci Rex, Satin, dan RS merupakan kelinci tipe medium yang dikembangkan untuk tujuan produksi kulit-bulu (*fur*) dan daging serta dipelihara dengan kondisi lingkungan yang sama, yaitu baik pakan maupun manajemen pemeliharaan.

Ukuran fenotipik dapat digunakan untuk mengukur jarak genetik rumpun kelinci yang diamati. Kelinci yang berasal dari Magelang terpisah jauh jarak genetiknya dengan kelinci yang berasal dari Balitnak yang berarti tidak adanya kekerabatan antar rumpun kelinci di dua wilayah tersebut. Peubah yang relatif valid sebagai penduga pembeda morfologi tubuh kelinci berdasarkan analisis kanonik adalah lingkar dada (0,896629), lebar dada (0,707511), dan panjang tulang humerus (0,704953) pada kanonik kesatu dan panjang kepala (0,839987) pada kanonik kedua. Untuk mencari kekerabatan antar rumpun-rumpun kelinci yang ada di Indonesia akan lebih akurat jika dilakukan di daerah asal ternak dengan ukuran morfologi dan jumlah ulangan yang lebih banyak.

Berdasarkan nilai campuran dalam rumpun atau pun diantara rumpun dan jarak genetik dari rumpun kelinci English Spot, Flemish Giant, New Zealand White, Rex, Satin dan RS, membuktikan bahwa selama ini tidak terjadi pertukaran ternak kelinci di antara kedua wilayah yang diamati.

DAFTAR PUSTAKA

- ACHDIJATI, J. dan A.N. HAMIDJOJO. 1984. Pengembangan peternakan kelinci di Jawa Barat dan Jawa Tengah. *Wartazoa* 1(4): 43-45.
- BADAN PUSAT STATISTIK dan KABUPATEN MAGELANG. 2004. Kabupaten Magelang dalam Angka. Badan Pusat Statistik dan Kabupaten Magelang.
- CHEEKE, P.R., N.M. PATTON, S.D. LUKEFAHR and J.I. MCNITT. 1987. Rabbit Production. Sixth Eds. The Interstate Printers & Publisher, Inc. Danville, Illinois.
- KUMAR S., K. TAMURA, I.B. JAKOBSEN, and M. NEI. 2001. MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Software. Arizona State University, Tempe, Arizona, USA.
- LUKEFAHR, S.D. and P.R. CHEEKE. 1990. Rabbit project planning strategies for developing countries (2): Research applications. *Livest. Res. Rural Dev.* 2(2): 1-12.

- NEI M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetic*. Columbia University Press. USA.
- PRASETYO R.S., 1999. Kajian Pembentukan Bangsa Kelinci Berbulu Halus Kilap Melalui Persilangan Bangsa Kelinci Rex dan Satin. Disertasi. Program Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- RAHARJO Y.C. 1988. *Rex breed* alternatif untuk pengembangan kelinci. Balai Penelitian Ternak, Bogor.
- RAHARJO Y.C., D. GULTOM, S. ISKANDAR and L.H. PRASETYO. 2001. Peningkatan produktivitas, mutu produk dan nilai ekonomi kelinci eksotis melalui pemuliaan dan nutrisi. Laporan Hasil Penelitian. Balitnak bekerjasama dengan Badan Litbang Pertanian, Proyek Pembinaan Kelembagaan Penelitian dan Pengembangan Pertanian/ARMP-II. Bogor.
- STATISTICS ANALYTICAL SYSTEM (SAS). 1997. *SAS/STAT Guide for Personal Computer. Ver. 6.12*. SAS Institute Inc. Cary. NC.
- SITORUS, P. S. SASTRODIHARDJO, Y.C. RAHARJO, I GEDE PUTU, SANTOSO, B. SUDARYANTO dan A.H. NURHADI. 1982. Laporan Budidaya Peternakan Kelinci di Jawa. Puslitbang Peternakan. Bogor.
- SUPARYANTO, A., T. PURWADARIA dan SUBANDRIYO. 1999. Pendugaan jarak genetik dan faktor peubah pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui pendekatan analisis morfologi. *JITV* 4(2): 80-87.
- TAYLOR J, L. FREEDMAN, T.J. OLIVIER and J. MCCLUSKEY. 1977. Morphometric distance between Australian wild rabbit population. *Aust. J. Zool.* 25: 721-32.
- WIDODO R. 2006. Prospek pengembangan ternak kelinci sebagai usaha agribisnis. (PPKM) Perhimpunan Peternak Kelinci Magelang disampaikan dalam Pertemuan Asosiasi Ternak Non Unggas Tahun 2006.
- ZHU YF, Z.B. ZHANG, W.Z. REN and Y.Z. WANG. 2004, Genetics variation within and among five rabbit population using microsatellite markers. *Proceeding of 8th World Rabbit Congress*. http://www.dcam.upv.es/8wrc/docs/Genetics%20and%20Biotechnology/Short%20Papers/181-185_zhuyufp_mod.pdf [9 Juni 2006].