

***Inbreeding* pada Populasi Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) di Kebun Binatang Surabaya**

Reny Sawitri dan Mariana Takandjandji*

*Pusat Litbang Hutan dan Konservasi Alam, Jl. Gunung Batu No. 5 PO Box 165, Bogor 16610
Telp. 0251-8633234; 8639190; Faks. 0251-8638111; *E-mail: rambu_merry@yahoo.co.id*

Diajukan: 15 Juni 2012; Diterima: 30 November 2012

ABSTRACT

Inbreeding Population of Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) at Surabaya Zoo. Reny Sawitri and Mariana Takandjandji. Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) is one of wildlife that is maintained in Surabaya Zoo, their mating system happened from a couples, and so overlap from generation to next generation. The purposed of this research was to determine effective population size, genetic diversity, and the change of physical and physiological of the herd. The methods used in this study were analysis DNA mitochondria from hair samples, description of physical and physiological change, and *inbreeding* coefficient. The results showed that effective populations size of herd in Surabaya Zoo tended to decline from productive age of banteng. Haplotype diversity of herd population was very low, the distance of genetic intra population zero, and it's genetic diversity was very homogen. This occured caused change in sex ratio of which male dominated the offspring population. Subsequently, the impact of *inbreeding* was the change of physic and physiology of banteng such as skin colour, sterile and infertile. *Inbreeding* that happened in Surabaya Zoo affected extinction of third population because of individual number of live sex less than one. The *inbreeding* coefficient was calculate using of pedigree analysis and *inbreeding* rate per generation based on the population structure. The calculation result of *inbreeding* coefficient was 0.42, while the *inbreeding* rate was 4.3% per generation. Finally, it's needed to supply banteng from nature to fix offsprings and it's genetic diversity.

Keywords: Effective population, genetic diversity, *inbreeding*, physic and physiology.

ABSTRAK

Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) merupakan salah satu satwa liar yang dipelihara di Kebun Binatang Surabaya (KBS). Sistem perkawinan banteng di lokasi ini dimulai dari bibit tunggal dan *overlap* antar generasi. Tujuan penelitian adalah untuk mengetahui keragaman genetika banteng di KBS melalui analisis DNA mitokondria, deskripsi perubahan fisik dan fisiologi banteng, gambaran nilai koefisien dan laju *inbreeding* per generasi. Metode yang digunakan adalah penghitungan ukuran populasi efektif, deskripsi perubahan fisik dan fisiologi serta

koefisien dan laju *inbreeding*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa ukuran populasi efektif banteng cenderung menurun dilihat dari umur produktif. Diversitas haplotipe populasi banteng di KBS sangat rendah, sehingga jarak genetik dalam populasi = 0 dan dapat dikatakan keragaman genetiknya sangat homogen. Rata-rata nilai koefisien *inbreeding* adalah 0,42 dan laju *inbreeding* 4,3% per generasi. Hal ini dapat dilihat dari keturunan jantan daripada betina. Perkawinan secara *inbreeding* penurunan fisik serta fisiologi banteng di KBS, seperti terjadinya kemandulan dan ketidaksuburan. *Inbreeding* juga mengakibatkan kepunahan pada populasi yang ada karena pada generasi ketiga jumlah individu tiap kelamin yang hidup kurang dari satu. Dengan demikian diperlukan pasokan banteng dari alam untuk memperbaiki keturunan dan keragaman genetik.

Kata kunci: Populasi efektif, keragaman genetik, *inbreeding*, fisik dan fisiologi.

PENDAHULUAN

Banteng (*Bos javanicus* d'Alton 1832) merupakan salah satu satwa liar yang dilindungi dengan status konservasi menurut Peraturan Pemerintah Nomor 7 Tahun 1990 dan termasuk Appendix II CITES (Direktorat Jenderal Perlindungan Hutan dan Konservasi Alam, 2003), yang ditangkarkan di Kebun Binatang Surabaya (KBS). Asal usul sepasang banteng sebagai bibit awal (*parent stock*) di KBS merupakan sumbangan dari Kebun Binatang Ragunan pada tahun 1995 yang masih memiliki satu garis keturunan. Dengan demikian perkawinannya dilakukan secara tidak acak atau perkawinan antar saudara.

Salah satu faktor penyebab rendahnya perkembangan populasi banteng sebagai plasma nutfah yang berada di KBS adalah manajemen perkawinan yang tidak tepat, di antaranya *inbreeding*, sehingga keturunannya cenderung berkualitas rendah. Kondisi ini yang umum terjadi di kebun binatang dan mengakibatkan keguguran dan kematian anakan

(Ralls *et al.*, 1979) Di samping itu, *inbreeding* pada mamalia besar akan menyebabkan keragaman genetik rendah, individu akan menjadi sensitif terhadap patogen, dan kualitas reproduksi menurun seperti yang terjadi pada beberapa karnivor (Bickham *et al.*, 2000; Frankham, 2003). *Inbreeding* dapat pula menimbulkan penyimpangan yang menyebabkan kematian pada berbagai fase kehidupan, lahir cacat atau kegagalan metabolisme (Meagher *et al.*, 2000). Menurut Allendorf dan Luikart (2008), perkawinan *inbreeding* akan menyebabkan kehilangan variasi genetik. *Inbreeding* juga mengakibatkan penurunan keragaman maupun produksi (Fredrickson *et al.*, 2002). Oleh karena itu perlu perbaikan mutu genetik banteng yang ada di KBS yang dilakukan secara seleksi. Dari kegiatan seleksi diharapkan dapat diperoleh banteng yang akan dijadikan sebagai tetua (pejantan dan induk atau *parent stock*) sehingga dapat menghasilkan keturunan-keturunan unggul. Evaluasi koefisien dan laju *inbreeding* perlu dilakukan untuk mengetahui pengaruh tekanan *inbreeding* yang terjadi (Hedrick dan Kalinowski, 2000).

Tingkat *inbreeding* dapat diketahui dengan menghitung nilai koefisien *inbreeding* menggunakan *pedegree* (Carr dan Dudash, 2003). Koefisien *inbreeding* digunakan untuk mengukur peningkatan homozigositas dan penurunan heterosigositas banteng. Umumnya koefisien *inbreeding* suatu individu adalah setengah dari koefisien kekerabatan individu tersebut dengan tetuanya. Jadi perhitungan koefisien *inbreeding* pada dasarnya adalah mengalikan koefisien kekerabatan dengan setengah (Noor, 2008). Sedang laju *inbreeding* digunakan untuk menghitung jumlah jantan yang digunakan dan jumlah betina yang telah dikawinkan serta jumlah yang masih muda atau yang akan masuk ke dalam populasi sebagai induk dewasa pada tahun berikutnya.

Keanekaragaman sifat dan ciri yang dimiliki banteng sesungguhnya menggambarkan keanekaragaman potensi dan manfaat. Dengan mengetahui keanekaragaman genetik maka rekayasa genetik dan hibridisasi (kawin silang) dapat diketahui untuk mendapatkan bibit unggul sesuai yang diharapkan.

Keanekaragaman genetik merupakan suatu tingkatan biodiversitas yang merujuk pada jumlah total genetik dalam keseluruhan spesies yang men-

cakup aspek biokimia, struktur, dan sifat organisme yang diturunkan secara fisik dari induknya (Brown *et al.*, 2009). Faktor-faktor yang sangat berpengaruh terhadap keragaman genetik pada suatu populasi adalah seleksi alam, mutasi, *genetic drift*, dan perkawinan yang tidak acak (Spielman *et al.*, 2004).

Analisis DNA mitokondria cukup efektif untuk mempelajari evolusi satwa dan banyak digunakan untuk mengenali struktur populasi, aliran gen, hibridisasi biogeografi, dan poligeni (Moritz *et al.*, 1987; Preston dan Hoffman, 2001). Hal ini disebabkan DNA mitokondria yang berbentuk sirkuler berutas ganda diturunkan langsung secara maternal (Ingman *et al.*, 2000).

Berdasarkan keragaman genetik dapat diketahui terjadinya *inbreeding* dan dampaknya terhadap keragaman fisik dan fisiologi banteng (Keller dan Waller, 2002) Dengan mengetahui status genetik suatu populasi, program konservasi untuk menghindari kepunahan spesies tersebut dapat dirancang dengan memasukkan individu baru (pengkayaan genetik), baik ke dalam penangkaran *in situ* maupun *ex situ* yang berasal dari populasi yang memiliki keragaman genetik yang tinggi ke dalam populasi dengan keragaman genetik rendah, sehingga dapat dijadikan dasar dalam pengelolaan selanjutnya (Rusello dan Amato, 2007). Oleh karena itu, manajemen yang tepat sangat diperlukan untuk mempertahankan keberadaan populasi melalui rekonstruksi filogenik dari suatu populasi (Astuti, 2011).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik banteng di Kebun Binatang Surabaya melalui analisis DNA mitokondria, deskripsi perubahan fisik dan fisiologi banteng, gambaran nilai koefisien, dan laju *inbreeding* per generasi.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilakukan di kawasan konservasi *ex situ*, yaitu Kebun Binatang Surabaya yang memiliki koleksi banteng sebanyak 12 ekor, terdiri atas tujuh ekor jantan dan lima betina. Penelitian dilakukan pada bulan Juli dan September 2010.

Bahan yang digunakan dalam penelitian adalah 12 sampel rambut banteng sebagai material DNA dan kalkulator. Pengambilan sampel rambut

dilakukan dengan mencabut rambut dan akar rambut atau folikel pada bagian ekor sebanyak $\pm 10-15$ helai. Selanjutnya potongan rambut tersebut dimasukkan ke dalam tube yang berisi alkohol (96%) sebagai bahan pengawet, kemudian sampel dibawa ke Laboratorium Genetika Molekuler, Pusat Penelitian Biologi-LIPI di Cibinong, untuk dilakukan analisis. Peralatan yang digunakan antara lain sarung tangan, botol tube sampel, jarum suntik, alkohol 96%, kapas, gunting, label, *box ice intercooler*, kamera, meteran, dan alat tulis.

Prosedur Kerja

Populasi efektif

Populasi efektif dilakukan dengan cara pendataan populasi banteng yang terdapat di Kebun Binatang Surabaya baik jantan maupun betina yang masih produktif dan permasalahan kesehatan serta reproduksi.

DNA mitokondria

Tahapan kerja untuk analisis DNA adalah ekstraksi, validasi kuantitas dan kualitas DNA dengan spektrofotometer, elektroforesis dan visualisasi DNA total, analisis PCR (*Polymerase Chain Reaction*), elektroforesis dan visualisasi produk PCR, purifikasi produk PCR, dan sekuensing. Secara detail, rangkaian metode yang digunakan dapat dirinci sebagai berikut:

Ekstraksi atau isolasi DNA. Pada dasarnya ekstraksi atau isolasi DNA dilakukan melalui tiga tahapan, yaitu penghancuran sel, penghilangan protein dan RNA, serta pemanenan DNA. Pelaksanaan ekstraksi DNA mengikuti standard protokol yang biasa digunakan untuk ekstraksi DNA, yaitu material DNA berupa faeces menggunakan *QIAamp DNA Stool Mini Kit (Qiagen)* dengan protokol sesuai dengan petunjuk yang telah tersedia, sedangkan material rambut dan darah menggunakan metoda fenol cloroform (Sambrook, 1989).

Validasi kuantitas dan kualitas DNA. Secara kuantitatif, DNA ditentukan konsentrasinya melalui spektrofotometri sinar ultra violet dengan menggunakan alat spektrofotometer (Beckman DU 650, Made in USA). DNA menyerap secara kuat sinar ultra violet pada panjang gelombang 260 nm

(nano meter), sedangkan protein pada panjang gelombang 280 nm. Pada panjang gelombang 260 nm, absorbansi dengan nilai satu setara dengan 50 $\mu\text{g/ml}$ DNA untai ganda.

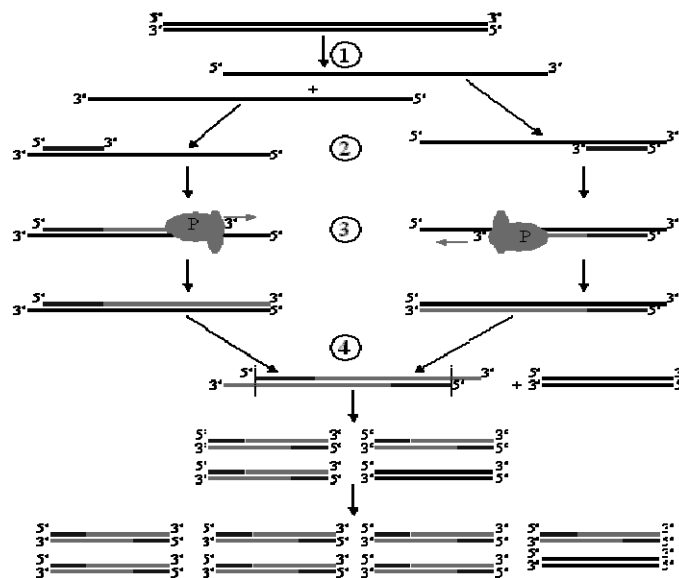
Untuk mengetahui tingkat kemurnian DNA, yang berkorelasi dengan kualitas DNA maka dilakukan pembagian nilai *Optical Density* (OD)₂₆₀ dengan OD₂₈₀. Apabila nilai ratio yang diperoleh berkisar antara 1,8-2,0 maka DNA dikatakan murni (kualitas DNA baik) namun apabila nilai ratio lebih kecil dari 1,80 maka DNA tersebut terkontaminasi dengan protein.

Penentuan kualitas DNA bisa juga dilakukan melalui analisis PCR, yang diindikasikan bahwa jika DNA diamplifikasi sesuai dengan primer yang digunakan, maka DNA dikatakan berkualitas baik.

Elektroforesis dan visualisasi DNA. Selain itu, kualitas hasil ekstraksi material DNA dapat dilihat dengan menggunakan *ultra violet (UV) photo* setelah melalui proses elektroforesis pada gel agarose 1% yang diestimasi dari intensitas fluorescence yang dipancarkan oleh ethidium bromide.

Polymerase Chain Reaction (PCR). Analisis PCR merupakan teknik perbanyakan molekul DNA dengan ukuran tertentu secara enzimatik melalui mekanisme perubahan suhu, sedangkan proses PCR-nya dapat dilihat pada Gambar 1. Reaksi PCR dibuat dalam tabung 0,2 ml dan proses reaksinya dilakukan dengan alat thermocycler GeneAmp* PCR system 9700 (Applied Biosystems). Komponen yang terdapat dalam setiap tabung reaksi ialah larutan penyangga (*buffer*), dNTP (Deoxynucleoside triphosphate), primer, enzim *Taq* DNA polymerase, sampel DNA, dan air. Semua komponen tersebut dicampur dalam total volume 30 μl .

Reaksi PCR untuk volume 30 μl terdiri dari: 4 μl forward primer (20 ng/ μl), 4 μl reverse primer (20 ng/ μl), 4 μl PCR-*buffer*, 2 μl dNTP, 0,2 μl *Taq*, 2 μl DNA template (40 ng DNA), dan 16 μl H₂O. Untuk mengamplifikasi mtDNA banteng, sepasang PCR primer spesifik (Tabel 1) dibuat berdasarkan publikasi sekuens mitokondria yang digunakan dalam reaksi PCR ini.



Gambar 1. Proses *Polymerase Chain Reaction*.

Tabel 1. Primer yang digunakan untuk analisis PCR dan sekuen.

Tipe primer	Nama primer	5' to 3' sequence
Primer PCR	YDF	-3' Forward: 5'-GTAAAGAGCCTCACCAGTAT
	CDR	-3' Reverse: 5'-ATGTCCTGTGACCATTGACT

Kondisi PCR yang dipakai adalah sebagai berikut:

Pre denaturasi	95°C selama 5 menit	} 35 siklus
Denaturasi	95°C selama 55 detik	
Annealing	50°C selama 55 detik	
Extension	72°C selama 55 detik	
Final extension	72°C selama 5 menit	

Elektroforesis dan visualisasi produk PCR.

Setelah melalui proses elektroforesis pada gel agarose 2% yang diestimasi dari intensitas fluorescence dan dipancarkan oleh ethidium bromide, visualisasi produk PCR dilakukan di bawah lampu UV dengan menggunakan transiluminator. Apabila terlihat adanya fragmen yang amplifikasi maka fotografi dapat dilaksanakan. Namun apabila tidak menunjukkan adanya amplifikasi sampel, fotografi tidak perlu diambil.

Sekuen fragmen D-loop. Untuk mengetahui susunan nukleotide dari DNA harus dilakukan sekuensing pada PCR. Sebelum produk PCR diseku-
sien, harus dipurifikasi terlebih dahulu kemudian

diseku-
sien dengan menggunakan mesin DNA sekuenser untuk mengetahui runutan sekuens nukleotida dengan tepat.

Fisik dan fisiologi banteng. Data fisik dan fisiologi banteng diperoleh secara kuantitatif atau kualitatif yang dapat diamati secara langsung dari ciri-ciri fenotipe. Data kuantitatif, yaitu mengukur bagian-bagian tubuh banteng, sedangkan data kualitatif diperoleh dengan membandingkan bobot badan, warna tubuh, tinggi badan, jarak antara kaki depan dan belakang, dan perkembangan ukuran tanduk. Data fisiologi banteng yang diambil berhubungan dengan reproduksi betina dan jantan.

Analisis Data

Ukuran populasi efektif. Ukuran populasi efektif dihitung dengan rumus Futuyma (1986), Falconer dan MacKay (1996):

$$N_e = 4N_m N_f / (N_m + N_f)$$

di mana

Ne = ukuran populasi efektif

Nm = jantan

Nf = betina

Konsentrasi DNA. Sekuen segmen D-loop genom DNA mitokondria sepanjang 657 bp digunakan dalam analisis data molekuler menggunakan berbagai macam komputer *software*. Chromas versi 2.0.1 digunakan untuk *viewing* dan editing hasil sekuen kemudian untuk mengoreksi sekuen antara *forward* dan *reverse* menggunakan program Bio-Edit versi 7.0.1. *Multiple alignment* sekuen dilakukan dengan menggunakan program ClustalX 1.83. Validasi kuantitas dan kualitas DNA untuk mendapatkan konsentrasi DNA untai ganda dapat digunakan rumus:

Konsentrasi DNA ($\mu\text{g/ml}$) = $\text{OD}_{260} \times 50 \times \text{faktor pengenceran}$

Fisik dan Fisiologi Banteng KBS. Data fisik dan fisiologi banteng yang terdapat di KBS dianalisis secara deskriptif untuk melihat penyimpangan yang terjadi pada ukuran bagian tubuh, penampilan, dan kelainan reproduksi.

Koefisien *inbreeding*. Perhitungan koefisien *inbreeding* dilakukan dengan menggunakan metode analisis *pedegree* (silsilah), yaitu dengan menelusuri leluhur dari induk dan pejantan, menurut petunjuk Allendorf dan Luikart (2008), dengan rumus:

$$F = \Sigma[(1/2)^{n+1}] (1 + F_{CA})$$

di mana

F = nilai koefisien *inbreeding*

n = banyaknya garis dalam alur

F_{CA} = koefisien moyang bersama

Laju *inbreeding*. Laju *inbreeding* per generasi dapat dihitung berdasarkan data struktur populasi, yaitu jumlah pejantan dan calon pejantan serta jumlah betina yang dapat dikawinkan dengan rumus dari Wiener (1994), Falconer dan MacKay (1996), yaitu:

$$\text{Laju } inbreeding = \frac{1}{8 N_m} + \frac{1}{8 N_f}$$

di mana

Nm = jumlah pejantan dan calon pejantan

Nf = jumlah betina yang dapat dikawinkan

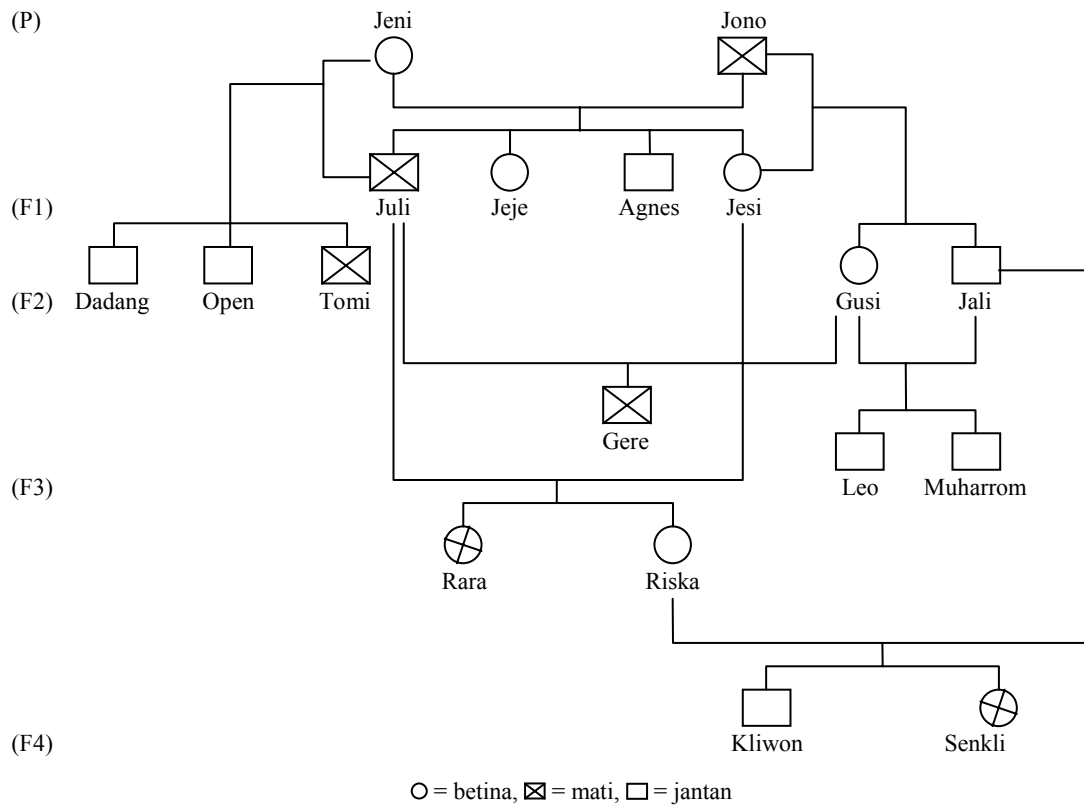
HASIL PENELITIAN

Populasi Efektif

Berdasarkan rumus Futuyma (1986), Falconer dan MacKay (1996), hasil analisis ukuran populasi yang efektif banteng di Kebun Binatang Surabaya rata-rata 12 individu yang terdiri atas tujuh individu jantan dan lima individu betina. Dari tujuh individu jantan, satu individu di antaranya mandul, yakni Agnes. Sedangkan tiga individu lainnya, yakni Leo, Kliwon, dan Muharrom masih berumur setahun. Jantan yang memasuki fase reproduktif adalah tiga individu, yakni Jali, Open, dan Dadang, tetapi yang produktif hanya Jali. Banteng betina yang sudah siap kawin sebanyak tiga individu, yakni Jesi, Gusi, dan Riska, tetapi yang produktif Riska sedangkan Jeni sudah tua (umur ± 15 tahun) dan satu individu (Jeje) mandul, karena sudah berumur sembilan tahun tetapi belum pernah kawin atau melahirkan, padahal umur produktif banteng terjadi mulai umur dua tahun. Jesi dan Gusi belum pernah kawin dan belum mempunyai anak. Jadi banteng produktif yang ada di KBS saat ini hanya dua individu, satu jantan dan satu betina, populasi yang sangat kecil yang dapat mengakibatkan penerimaan variasi genetik sehingga populasi tidak mampu beradaptasi terhadap perubahan kondisi lingkungan (Frankham, 2003). Hal ini dapat menimbulkan penyimpangan genetik secara acak, peningkatan derajat *inbreeding*, dan pengurangan ukuran populasi efektif (Charlesworth dan Willis, 2009).

Berdasarkan nilai populasi efektif banteng di KBS, ukuran populasi semakin menurun karena adanya generasi yang *overlap*, yaitu adanya perkawinan antara turunannya (F₁, F₂, ... F_n) dengan induknya (F₀) (Felsenstein, 1971 dalam Futuyma 1986), sehingga terdapat fluktuasi ukuran populasi dari satu generasi ke generasi berikutnya, seperti yang terlihat pada Gambar 2. Perkawinan populasi banteng tersebut terjadi dari tahun 1995-2010. Untuk mengatasi masalah tersebut perlu penambahan populasi banteng dengan ukuran populasi efektif yang tinggi, sehingga keanekaragaman genetik akan semakin meningkat.

Gambar 1 menunjukkan bahwa individu awal yang ditangkarkan (*parent stock*) adalah Jeni dan Jono, selanjutnya dari generasi ke generasi tidak



Gambar 2. Perkawinan banteng di Kebun Binatang Surabaya.

ada penambahan individu dari luar dan terjadi mutasi yang tidak sehat, sehingga terjadi perkawinan ulang antara individu-individu yang masih memiliki hubungan keluarga dekat, antaranak ($F_1 \times F_1$), antar-cucu ($F_2 \times F_2$) ataupun antaranak dan induk ($F_1 \times F_0$), antaranak dan cucu ($F_1 \times F_2$), dan seterusnya. Perkawinan yang terjadi antara dua individu yang berasal dari satu garis keluarga dekat disebut *inbreeding* (Thohari, 1987).

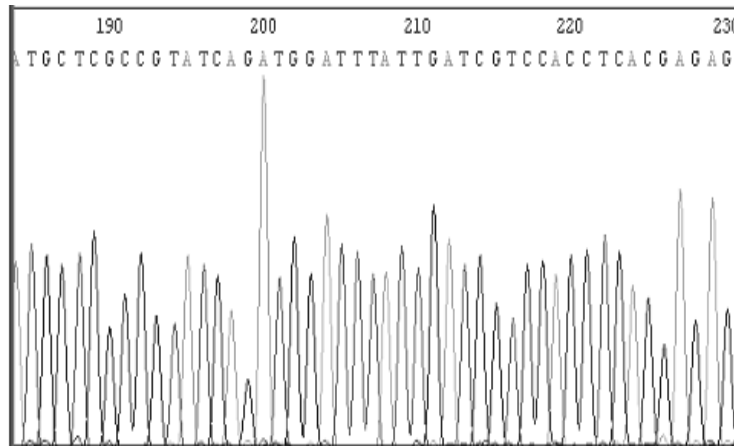
Populasi banteng yang dipelihara di lingkungan terbatas seperti di kebun binatang peka terhadap perubahan komponen hidupnya. Komponen hidup tersebut di antaranya adalah fekunditas (kemampuan betina untuk bereproduksi), daya hidup, materi genetik yang dimiliki, dan ukuran populasi efektif (Nacci dan Hoffman, 2008). Selanjutnya komponen hidup akan mempengaruhi terjadinya perubahan komponen lainnya seperti *sex ratio*. Pada mamalia, tekanan *inbreeding* berpengaruh terhadap proporsi anak jantan yang meningkat, sedangkan individu betina cenderung menurun. Kecenderungan tersebut telah terjadi pada banteng di KBS, keturunan yang lahir lebih banyak berkelamin jantan dan dampak

yang lebih parah adalah terjadinya kepunahan apabila jumlah anak dari setiap jenis kelamin yang hidup pada satu generasi kurang dari satu individu (Slate *et al.*, 2000).

Keragaman Genetika

Sekuen DNA menunjukkan keragaman yang dapat diamati dengan adanya variasi di dalam protein plasma atau serum darah, yang merupakan penanda molekuler (Ingman *et al.*, 2000). Hasil analisis sekuen segmen D-loop genom DNA mitokondria sepanjang 657 bp (pasang basa) pada banteng di Kebun Binatang Surabaya tidak menunjukkan variasi genetik (Gambar 3).

Di samping itu, diversitas haplotipe populasi banteng juga tidak ada dan jarak genetik di dalam populasi = 0,000 atau variasi genetik banteng sangat rendah. Nilai ini menunjukkan bahwa dari 1.000 pasang basa, tidak satupun terdapat pasangan yang berbeda (Wisesa *et al.*, 2012). Hal ini berarti telah terjadi *inbreeding* pada banteng di KBS. Struktur DNA tersusun oleh basa nitrogen yang dikelompok-



Gambar 3. Hasil *output* dari sekuenser DNA banteng.

kan ke dalam adenin (A), guanine (G), cytosin (C), thymin (T). Rangkaian tunggal DNA selalu tersusun menjadi AAACGT, di mana A selalu berpasangan dengan T, C, dan G (Piganeau dan Eyre-Walker, 2003).

Suatu populasi dengan keragaman genetik yang rendah kemungkinan merupakan kelompok individu yang saling bersaudara satu sama lainnya, sehingga dalam jangka panjang, perkawinan yang terjadi di dalam kelompok tersebut akan merupakan perkawinan antar saudara (*inbreeding*) (Wright *et al.*, 2008). Kejadian *inbreeding* menyebabkan penurunan kualitas reproduksi dan individu menjadi sensitif terhadap patogen (Roldan dan Gomendio, 2009).

Fisik dan Fisiologi Banteng

Banteng merupakan jenis mamalia yang bertubuh besar, tegap, dan kuat dengan bahu bagian depan lebih tinggi dari bagian belakang. Pada bagian tengah dada terdapat gelambir (*dewlap*) yang memanjang dari pangkal kaki depan hingga bagian leher, tetapi tidak mencapai daerah kerongkongan (Hoogerwerf, 1970 *dalam* Cribb dan Audrey, 2004). Keanekaragaman banteng dapat dilihat dari ciri-ciri fenotipe yang dapat diamati secara langsung, seperti tinggi badan, bobot badan, panjang badan, lingkaran dada, warna tubuh, dan perkembangan tanduk.

Banteng yang terdapat di KBS merupakan hasil perkembangbiakan yang berlangsung dengan sistem perkawinan antara keturunan segaris dari

bibit tunggal. Individu hasil perkawinan tersebut sangat rentan terhadap kemampuan reproduksi, penurunan kekuatan atau kesegaran badan, dan pengurangan penampilan (*performance*) individu (Gage *et al.*, 2006).

Secara fisik banteng jantan dan betina di KBS telah mengalami perubahan akibat perkawinan bibit tunggal yang mengakibatkan tekanan *inbreeding*. Perubahan fisik tersebut di antaranya adalah penurunan penampilan dari beberapa individu (Tabel 2). Hal ini terlihat dari warna banteng jantan yang berubah menjadi warna biru kehitam-hitaman, coklat gelap, dan tanduk yang melengkung ke atas. Pada waktu lahir, banteng jantan dan betina berwarna coklat seperti warna induknya dan pada umur ± 1 tahun mulai terlihat perbedaan warna tubuh. Ukuran tubuh betina lebih kecil dibandingkan dengan betina di alam, bentuk dan ukuran tanduk betina lebih kecil dan hampir menempel di kepala serta melengkung ke dalam, warna tubuh coklat kemerahan, dan tidak mempunyai gumba atau punuk.

Banteng jantan dan betina juga mempunyai tanduk yang berbeda dalam ukuran, bentuk, dan terdapat beberapa variasi tipe tanduk pada kedua jenis kelamin. Panjang tanduk banteng jantan dewasa rata-rata $\pm 41,5$ cm, betina dewasa ± 28 cm, jantan remaja ± 30 cm, betina remaja 22 cm, anak jantan ± 19 cm, dan anak betina ± 13 cm. Dari hasil pengukuran terlihat perbedaan ukuran tanduk banteng saat ini dengan ukuran tanduk banteng pada saat diintroduksi di KBS, yakni ukuran tanduk pada jantan dewasa ± 55 cm dan betina dewasa ± 38 cm. Bentuk tanduk pada jantan dewasa hampir sama de-

ngan sapi, berbentuk silak conglok di mana proses pertumbuhan tanduk mula-mula dari dasar sedikit keluar (tumbuh ke arah samping), kemudian membengkok ke atas dan akhirnya ujungnya membengkok sedikit ke arah luar (Purwantoro *et al.*, 1990). Pada betina, bentuk tanduk disebut manggul gangsa, yaitu proses pertumbuhan tanduk satu garis dengan dahi arah ke atas dan pada ujungnya sedikit mengarah ke belakang dan kemudian melengkung ke bawah dan mengarah ke bagian kepala (ke dalam). Selain itu, ditemukan juga bentuk tanduk yang sedikit berbeda dengan bentuk tanduk yang normal, yaitu mengarah ke atas dan kemudian ke belakang. Hal tersebut merupakan cerminan adanya perbedaan genetik akibat *inbreeding*. Kepala banteng termasuk panjang (± 50 cm), tetapi tidak lebar (± 26 cm), kedua telinganya tegak dan berukuran ± 17 cm. Banteng jantan dan betina masing-masing memiliki kaos kaki berwarna putih bercampur warna merah bata atau coklat sepanjang ± 55 -58 cm.

Perubahan atau penyimpangan fisiologi banteng di KBS berkaitan dengan *sex ratio* keturunan, reproduksi, dan kesuburan. *Sex ratio* banteng lebih banyak jantan daripada betina. Reproduksi dan kesuburan yang terjadi akibat *inbreeding* adalah ke-

mandulan dan ketidaksuburan pada banteng jantan maupun betina (Comizzoli *et al.*, 2010). Banteng jantan yang mengalami ejakulasi dini, yakni Agnes. Kenyataan di lapang, pasangan yang produktif saat ini hanya sepasang, yaitu Jali dan Riska.

Koefisien *Inbreeding*

Koefisien *inbreeding* dapat didekati melalui silsilah banteng di KBS seperti yang terdapat pada Gambar 1. Silsilah tersebut dapat dianalisis untuk mencari moyang bersama dan diagram alur berdasarkan jalur lintasan. Nama yang digunakan dalam diagram merupakan nama banteng yang ada di KBS. Nilai koefisien *inbreeding* hasil perhitungan dari masing-masing alur dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3 menggambarkan nilai koefisien *inbreeding* (F_x) sebesar $0,42 \times 100\% = 42\%$. Nilai ini membuktikan bahwa banteng di KBS menunjukkan tekanan *inbreeding* yang tinggi. Tingginya nilai koefisien *inbreeding* pada banteng di KBS disebabkan oleh jumlahnya yang sangat terbatas dengan jumlah jantan yang digunakan sangat sedikit sehingga pergerakan banteng terbatas pula. Menurut Miglior *et al.* (1992) dalam Dinarwati (2011), ketika nilai koefisien *inbreeding* lebih besar daripada

Tabel 2. Fisik banteng di Kebun Binatang Surabaya.

No.	Bagian-bagian badan	Penampilan
1.	Bentuk tanduk	Melengkung ke atas (♂) Pendek dan hampir menempel pada kepala (♀)
2.	Warna kulit	Biru kehitaman dan coklat (♂), coklat (♀)
3.	Bentuk kepala	Benjolan menonjol (♂)
4.	Gelambir	Jelas dan panjang (♂)
5.	Perkiraan berat badan	400-700 kg (♂), 200-250 kg (♀)
6.	Jarak kaki depan dan belakang	60-70 cm
7.	Lebar kaki kanan dan kiri	60-65 cm
8.	Panjang badan	206-240 cm (♂); 180-205 cm (♀)
9.	Tinggi pundak	127-143 cm (♂); 120-139 m (♀)

Tabel 3. Diagram alur banteng di Kebun Binatang Surabaya.

Moyang bersama	Jalur lintasan	n (ekor)	Kontribusi	Koefisien <i>inbreeding</i>
Jeni	Jeni, Jono, Juli, Jeje, Agnes, Jesi	6	$(\frac{1}{2})^6$	0,02
Jono	Jeni, Juli, Dadang, Open, Tomi	5	$(\frac{1}{2})^5$	0,03
	Jono, Jesi, Gusi, Jali	4	$(\frac{1}{2})^4$	0,06
	Juli, Jesi, Rara, Riska	4	$(\frac{1}{2})^4$	0,06
	Juli, Gusi, Gere	3	$(\frac{1}{2})^3$	0,125
	Gusi, Jali, Leo, Muharrom	4	$(\frac{1}{2})^4$	0,06
	Jali, Riska, Kliwon, Senkli	4	$(\frac{1}{2})^4$	0,06
Jumlah			F_x	0,42

12,5% maka tekanan *inbreeding* akan semakin meningkat. Demikian pula menurut Halverson *et al.* (2006), apabila nilai F_x lebih dari 12,5% maka koefisien *inbreeding* termasuk dalam kategori tinggi. Sejalan dengan pernyataan tersebut, Noor (2008) berpendapat bahwa apabila koefisien *inbreeding* telah mencapai angka sekitar 30%, maka perkawinan berikutnya akan meningkatkan tekanan *inbreeding* yang dapat mengakibatkan penurunan produksi yang sangat signifikan, peningkatan kematian, dan peningkatan frekuensi munculnya cacat. Penurunan performa tersebut diduga berhubungan dengan perubahan metabolisme akibat kemunculan gen-gen resesif (*partial dominance hypothesis*) dan hilangnya keragaman genetika (*overdominance hypothesis*) yang umumnya terjadi di laboratorium atau di kebun binatang (Frankham, 1995). Oleh karena itu, untuk memperbaiki kualitas genetika, perlu dilakukan perkawinan dengan banteng dari luar KBS yang memiliki nilai pemuliaan tinggi. Namun Wiener (1994) melaporkan bahwa dalam populasi yang terbatas, *inbreeding* tidak dapat dihindari secara penuh tetapi hanya dapat dikurangi.

Laju *Inbreeding*

Struktur populasi banteng di KBS terdiri atas lima ekor betina, di mana satu ekor mandul (Jeje), satu ekor sudah tua (Jeni), dan dua ekor belum pernah kawin (Jesi, Gusi), sehingga betina yang produktif hanya satu ekor yakni Riska. Banteng jantan berjumlah 11 ekor, di mana dua ekor mati setelah kawin dan mempunyai anak (Jono, Juli), dua ekor mati sebelum kawin dan mempunyai anak (Tomi, Gere), satu ekor mandul (Agnes), tiga ekor masih muda dan belum kawin (Leo, Kliwon, Muharrom), dan dua ekor belum pernah kawin walaupun sudah cukup umur (Open, Dadang). Sisa banteng jantan

yang produktif hanya satu ekor yakni Jali, sehingga banteng yang produktif di KBS saat ini hanya ada dua individu, terdiri atas satu jantan dan satu betina dengan perbandingan 1 : 1. Perbandingan tersebut sangat kecil sehingga dapat mengakibatkan variasi dalam genetik banteng di KBS. Umumnya perbandingan antara jantan dan betina (*sex ratio*) pada sapi Bali adalah 1 : 5.

Laju *inbreeding* pada banteng di KBS dengan jumlah jantan yang sedikit dapat menjadi penyebab terjadinya *inbreeding* secara bebas dan sulit dihindari. Berdasarkan hasil perhitungan, laju *inbreeding* pada banteng di KBS dapat dilihat pada Tabel 4.

Tingginya laju *inbreeding* pada banteng di KBS disebabkan oleh jantan yang produktif sangat kecil dan sangat terbatas (satu individu), ukuran populasi kurang proporsional dan tertutup, sistem perkawinan tidak terarah, dan penggunaan *recording* belum optimal. Setiap perkawinan seharusnya mengacu pada catatan silsilah (*pedegree*) sehingga kemungkinan terjadi *inbreeding* sangat kecil (Loeske *et al.*, 2002). Selain itu, *inbreeding* dapat dihindari apabila koefisien dan laju *inbreeding* per generasi dapat mencapai nilai di bawah 2%.

Menurut Falconer dan McKay (1996), tingginya nilai *inbreeding* dapat menyebabkan tekanan *inbreeding* sehingga mengakibatkan penurunan penampilan produksi dan reproduksi. Kondisi ini juga terjadi pada populasi serigala liar (*Canis lupus*) (Liberg *et al.*, 2005). Pemasukan pejantan dari luar KBS belum pernah dilakukan dan tingkat *inbreeding* perlu menjadi perhatian bagi pengelola agar produktivitas banteng dapat ditingkatkan melalui perbaikan mutu genetik. Untuk menghindari *inbreeding* di KBS, perlu adanya pemasukan pejantan yang produktif dari luar KBS dan perkawinan dapat dilakukan secara bergilir dalam menggunakan pejantan.

Tabel 4. Nilai laju *inbreeding* pada banteng di KBS.

Jenis kelamin	Jumlah banteng (ekor)	Laju <i>inbreeding</i> (%)
Jantan dan calon jantan	7	0,018
Betina	5	0,025
Jumlah	12	0,043 (4,3%)

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Ukuran populasi efektif pada banteng yang terdapat di Kebun Binatang Surabaya cenderung menurun (11,67) akibat sistem perkawinan *overlap* antara induk dan keturunannya.

Diversitas haplotipe populasi banteng di Kebun Binatang Surabaya tidak ada, sehingga jarak genetik di dalam populasi KBS = 0 dan dapat dikatakan variasi genetiknya sangat rendah atau terjadi *inbreeding*. Hal ini dapat dilihat dari lebih banyaknya keturunan jantan daripada betina.

Perkawinan dari bibit tunggal dan *inbreeding* mengakibatkan penurunan fisik maupun fisiologi banteng di KBS, seperti perubahan penampilan, kemandulan, dan ketidaksuburan.

Nilai koefisien *inbreeding* banteng di KBS termasuk tinggi, yaitu 42% sedangkan laju *inbreeding* 4,3% per generasi.

Saran

Inbreeding yang terjadi di KBS akan mengakibatkan kepunahan populasi yang ada karena pada generasi ketiga jumlah individu tiap kelamin yang hidup kurang dari satu. Dengan demikian diperlukan pasokan banteng dari alam atau dari luar untuk memperbaiki keturunan dan keragaman genetik dalam rangka memperbesar populasi secara cepat dan teratur. Untuk menghindari *inbreeding* pada banteng di KBS perlu dilakukan manajemen perkawinan dengan menambahkan pejantan unggul dari luar ke dalam komunitas banteng betina yang ada. Diharapkan upaya ini dapat mendukung program pelestarian plasma nutfah banteng di KBS.

DAFTAR PUSTAKA

Allendorf, F.W. and G. Luikart. 2008. Conservation and the Genetics of Population. Blackwell Publishing, Victoria.

Astuti, D. 2011. Variasi gen mitokondria Cytochrome b pada dua jenis burung kakatua putih (*Cacatua alba* dan *C. moluccensis*). J. Biologi Indonesia 7(2):263-276.

Bickham, J.W., S. Sandhu, P.D.N. Hebert, L. Chikhi, and R. Athwal. 2000. Effects of chemical contaminants

on genetic diversity in tarural populations: implications for biomonitoring and ecotoxicology. Mutat. Res. Rev. 463:33-51.

Brown, A.R., D.J. Hosken, F. Balloux, L.K. Bickley, G. LePage, S.F. Owen, and C.R. Tyler. 2009. Genetic variation, inbreeding and chemical exposure-combined effects in wildlife and critical considerations for ecotoxicology. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci. 364(1534):3377-3390.

Carr, D.E. and M.R. Dudash. 2003. Recent approaches into genetic basic of inbreeding depression in plants. Phillos. Trans. R. Soc. London B. 358:1071-1084.

Charlesworth, D. and J.H. Willis. 2009. The genetic inbreeding depression. Nature Review Genetics 10:783-796.

Comizzoli, P., N. Songsasen, and D.E. Wildt. 2010. Protecting and extending fertility for females of wild and endangered mammals. Cancer Treat Rest. 156:87-100.

Cribb, R.B. and K. Audrey. 2004. Historical Dictionary of Indonesia. Scarecrow Press. 90 p.

Dinarwati, D. 2011. Evaluasi koefisien dan laju *inbreeding* pada kuda militer di Detasemen Kavaleri Berkuda (Denkavkud) Parongpong, Bandung. Skripsi. Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan. Fakultas Peternakan. Institut Pertanian Bogor.

Direktorat Jendral Perlindungan Hutan dan Konservasi Alam. 2003. 41 Taman Nasional di Indonesia. Departemen Kehutanan, CIFOR, dan UNESCO. Jakarta.

Falconer, D. and T.F.C. MacKay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Fourth Edition. Longman Group. Ltd. England.

Frankham, R. 1995. Conservation genetics. Annu. Rev. Genet. 29:305-307.

Frankham, R. 2003. Genetics and conservation biology. C. R. Biol. 326(1):22-29.

Fredrickson, R.J. and P.W. Hedrick. 2002. Bodysize in endangered Mexican wolves: Effects of captivity, inbreeding and cross-lineage matings. Anim. Cons. 5:39-43.

Futuyma, D.J. 1986. Evolutionari Biology. Sinauer Associates, Inc. Publishers: Sunderland, Massachusetts.

Gage, M.J., A.K. Surridge, J.L. Tomkins, E. Green, D.J. Bell, and G.M. Hewitt. 2006. Reduced heterozygosity depresses sperm quality in wild rabbits *Orytolagus cuniculus*. Curr. Biol (16):612-617.

Halverson, M.A., D.K. Skelly, and A. Caccone. 2006. Inbreeding linked to amphibian survival in the wild but not in the laboratory. J. Herediti 97:499-507.

- Hedrick, P.W. and S.T. Kalinowski. 2000. Inbreeding depression in conservation biology. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 31:130-162.
- Ingman, M., H. Kaessmann, S. Paabo, and U. Gyllensten. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature* 408:708-713.
- Keller, L.F. and D.M. Waller. 2000. Inbreeding effect in wild population. *TRENDS in Ecology and Evolution* 17(5):230-241.
- Liberg, O., H. Andren, H.C. Pedersen, H. Sand, D. Sejberg, P. Wabakken, M. Akesson, and S. Benson. 2005. Severe inbreeding depression in a wild wolf (*Canis lupus*) population. *Biology Letters* 1(1):17-20.
- Loeske, E.B., L.E. Kruuk, B.C. Sheldon, and J. Merila. 2002. Severe inbreeding depression in collared flycatchers (*Ficedula albicollis*). *Proc. R. Soc. B.* 269:1581-1589.
- Meagher, S., D.J. Penn, and W.K. Potts. 2000. Male-male competition magnifies inbreeding depression in wild house mice. *Proc. Natl Acad Sci.* 97:3324-3329.
- Moritz, C., T.E. Dowling, and W.M. Brown. 1987. Evolution of Animal Mitochondrial DNA. Relevance for Population Biology and Systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 18:269-291.
- Nacci, D. and G.R. Hoffman. 2008. Genetic variation in population-level ecological risk assessment. p. 93-112. *In* L.W. Barnhouse, W.R. Munns Jr, M.T. Sorensen (eds.) *Population-level Ecological Risk Assessment*. New York. Taylor and Francis.
- Noor, R.R. 2008. *Genetika Ternak*. Penerbit Swadaya. Jakarta.
- Piganeau, G. and A. Eyre-Walker. 2003. Estimating the distribution of fitness effects from DNA sequence data implications for the molecular clock. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 100:10.335-19.340.
- Preston, R.J. and G.R. Hoffman. 2001. Genetic toxicology. in Casarett and Doull's toxicology. p. 321-350. *In* C.D. Klaassen (ed.) *The Basic Science of Poisons* New York. McGraw-Hill.
- Purwantoro, B., R.R. Noor, G. Andersson, and H. Rodrigueuz-Martines. 1990. Banteng and Bali cattle in Indonesia: Status and forecast. *Reproduction in Domestic Animals* (47)SI:2-6.
- Ralls, K., K. Brugger, and L. Ballou. 1979. Inbreeding and juvenile mortality in small populations of ungulates. *Science* 206:1.101-1.103.
- Roldan, E.R.S. and M. Gomendio. 2009. Sperm and conservation. p. 539-564. *In* Birkhead, T., Rt. Roush, D.J. Hosken, and S. Pitnick (eds.) *Biology of Sperm: An Evolutionary Perspective*. London, UK Academic Press.
- Rusello, M. and G. Amato. 2007. On the horn of dilemma: Molecular approaches refine ex situ conservation in crisis. *Molecular Ecology* 16:2405-2406.
- Sambrook, J., E.F. Fritsch, and T. Maniatis. 1989. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*. 2nd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Slate, J., L.E.B. Kruuk, T.C. Marshall, J.M. Pemberton, and T.H. Clutton. 2000. Inbreeding depression lifetime breeding success in wild population of red deer (*Cervus elaphus*). *Proc. R. Soc. Lond. B.* 264:1657-1662.
- Spielman, D., B.W. Brook, and R. Frankham. 2004. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proc. Natl Acad. Sc.* 101:15261-15264.
- Thohari, M. 1987. Gejala inbreeding dalam penangkaran satwaliar. *Media Konservasi* 1(4):1-10.
- Weiner, G. 1994. *Animal Breeding*. Centre for Tropical Veterinary Medicine. University of Edinburgh, Edinburgh.
- Wisasa, A.A.N.G.D., T.G.O. Pemayun, dan I.G.N.K. Mahardika. 2012. Analisis sekuens D-Loop mitokondria sapi Bali dan banteng dibandingkan dengan bangsa sapi lain di dunia. *Indonesia Medica Veterinus* 2:281-292.
- Wright, L.T.I., T. Tregaze, and D.J. Hoshen. 2008. Inbreeding, inbreeding depression, and extinction. *Conserv. Genet.* 9:833-843.