



Studi Genetik Ternak Lokal Indonesia untuk Pelestarian Plasma Nutfah Nasional

Karyadi Munib

Departemen Ilmu Produksi dan Teknologi Peternakan, Fakultas Peternakan, Universitas Mataram

*Corresponding Author: Karyadimunib@email.com

Article History

Manuscript submitted:

06 December 2025

Manuscript revised:

29 December 2025

Accepted for publication:

31 December 2025

Keywords

genetic diversity,
local livestock,
Indonesia,
conservation genetics,
genomic analysis

Abstract

Indonesia is home to diverse local livestock populations that possess unique genetic characteristics and strong adaptation to tropical environments. However, increasing industrialization, uncontrolled crossbreeding, declining effective population size, and the absence of a comprehensive national genomic database threaten their sustainability. This study aims to examine genetic diversity, population structure, and conservation priorities of Indonesian local livestock using molecular markers including microsatellites, mtDNA, SNPs, and whole-genome sequencing. A literature-based analytical approach was used to synthesize findings from recent genetic studies on cattle, buffalo, goats, sheep, and poultry. Results indicate that local breeds such as Bali cattle, Madura cattle, Kacang goats, and Pelung chickens retain high within-population genetic diversity and signatures of selection linked to heat tolerance, parasite resistance, and efficient metabolism. However, introgression from imported breeds has reduced genetic purity in several populations. The findings highlight the urgent need for integrated conservation strategies, including genomic-assisted breeding, establishment of a national genetic repository, and community-based in situ protection. Overall, this study underscores the strategic role of genetic research in preserving Indonesia's livestock biodiversity and strengthening sustainable breeding programs.

Copyright © 2025, The Author(s)

This is an open access article under the CC BY-SA license



How to Cite: Munib, K. (2025). Studi Genetik Ternak Lokal Indonesia untuk Pelestarian Plasma Nutfah Nasional *Journal of Animal Husbandry*, 1(2), 65–70. <https://doi.org/10.70716/joah.v1i2.176>

Pendahuluan

Indonesia memiliki kekayaan sumber daya genetik ternak lokal yang tinggi, mencakup sapi Bali, sapi Madura, kerbau lokal, kambing Kacang, domba Garut, ayam Pelung, dan berbagai populasi unggas lokal lainnya. Ternak-ternak tersebut telah beradaptasi secara genetis terhadap lingkungan tropis, kondisi pakan marginal, serta tekanan penyakit endemik, sehingga menjadikannya bagian penting dari ketahanan pangan nasional (Setiadi et al., 2020). Namun, modernisasi peternakan dan preferensi pasar terhadap ternak berproduktivitas tinggi mendorong masuknya ras impor seperti Limousin, Simmental, Brahman, dan Boer, yang kemudian memicu persilangan tidak terkontrol (Agung et al., 2018).

Sejumlah penelitian melaporkan bahwa persilangan tersebut menurunkan kemurnian genetik ternak lokal dan berpotensi menghilangkan alel adaptif yang telah diwariskan selama ratusan tahun (Elavarasan et al., 2023). Selain itu, populasi ternak lokal mengalami penurunan ukuran populasi efektif (N_e), yang mengakibatkan meningkatnya risiko inbreeding dan hilangnya keragaman genetik (Wang et al., 2025). Tantangan tersebut diperparah dengan tidak adanya basis data genomik nasional yang terintegrasi.

Di sisi lain, perkembangan teknologi genomik modern, seperti high-density SNP genotyping, whole-genome sequencing, dan analisis mtDNA, memungkinkan karakterisasi keragaman genetik secara lebih akurat. Analisis tersebut telah digunakan untuk mengidentifikasi gen terkait adaptasi panas, efisiensi nutrisi, dan resistensi penyakit pada berbagai ternak lokal di Asia Tenggara (Freitas et al., 2021). Namun, pemanfaatan teknologi ini di Indonesia masih belum optimal.

Kesenjangan penelitian (research gap) muncul karena sebagian besar studi sebelumnya hanya berfokus pada karakter fenotip dan belum sepenuhnya mengintegrasikan data genotip dalam program pemuliaan ternak lokal. Selain itu, masih terbatas penelitian yang mengevaluasi struktur populasi secara nasional untuk menentukan prioritas konservasi (Agung et al., 2018).

Penelitian ini bertujuan untuk meninjau dan mensintesis temuan-temuan terbaru terkait studi genetik ternak lokal Indonesia, mencakup keragaman genetik, struktur populasi, risiko hilangnya plasma nutfah, serta peluang penerapan genomik dalam konservasi. Dengan demikian, artikel ini berkontribusi pada perumusan strategi pelestarian berbasis data ilmiah yang relevan dengan kebutuhan nasional. Secara keseluruhan, penelitian ini diharapkan memberikan pemahaman komprehensif mengenai kondisi genetik plasma nutfah ternak lokal Indonesia, sekaligus memperkuat urgensi pengembangan kebijakan konservasi yang mengintegrasikan pendekatan bioteknologi modern.

Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan desain studi literatur sistematis (systematic literature review) yang disusun untuk mengevaluasi dan mensintesis temuan-temuan ilmiah terkait keragaman genetik, struktur populasi, dan strategi konservasi ternak lokal Indonesia. Pendekatan sistematis dipilih agar proses identifikasi, seleksi, dan evaluasi artikel berlangsung transparan, replikatif, dan berbasis kriteria ilmiah yang terukur.

1. Sumber Data dan Basis Pencarian

Proses pencarian literature dilakukan pada beberapa basis data internasional dan nasional, yaitu Scopus, Web of Science, PubMed, ScienceDirect, dan Google Scholar, serta basis data nasional seperti SINTA dan Garuda. Rentang waktu publikasi ditetapkan antara 2015–2024 untuk memastikan bahwa artikel yang dianalisis mencerminkan perkembangan penelitian genetik terkini, terutama setelah berkembangnya teknologi genotipik seperti SNP chip dan whole-genome sequencing. Selain artikel jurnal, prosiding konferensi ilmiah yang relevan juga dipertimbangkan sebagai sumber data tambahan.

2. Strategi Pencarian Literatur

Pencarian literatur dilakukan dengan kombinasi kata kunci dalam bahasa Inggris dan Indonesia menggunakan operator Boolean (AND, OR, NOT). Kata kunci inti meliputi: local livestock genetics, Indonesian indigenous breeds, microsatellite markers, SNP genotyping, mitochondrial DNA, genomic diversity, population structure, dan conservation genetics. Formula pencarian, misalnya: ("Indonesian local livestock" AND "genetic diversity") OR ("SNP" AND "native cattle") OR ("microsatellite" AND "Indonesia"). Strategi pencarian ini menghasilkan total awal ± 1.240 publikasi sebelum proses penyaringan.

3. Kriteria Inklusi dan Eksklusi

Kriteria inklusi ditetapkan secara ketat untuk memastikan artikel yang dianalisis benar-benar relevan dengan tujuan penelitian. Artikel harus memenuhi syarat berikut:

- a. Merupakan penelitian empiris yang menyajikan data genetika molekuler pada ternak lokal Indonesia.
- b. Menggunakan minimal satu metode molekuler seperti microsatellite, mtDNA, SNP, RADseq, atau whole-genome sequencing.
- c. Memuat analisis keragaman genetik, struktur populasi, filogenetik, atau identifikasi alel/adaptasi.
- d. Dipublikasikan dalam jurnal yang sudah melalui proses peer-review.

Sementara itu, artikel dikeluarkan (eks klusi) jika:

- a. Fokus hanya pada karakter fenotip tanpa data genetik.
- b. Merupakan opini, editorial, atau laporan tanpa metode ilmiah.
- c. Tidak menyediakan data yang dapat diinterpretasi (misalnya abstrak tanpa akses penuh).
- d. Menganalisis ternak non-lokal atau ras komersial impor.

Setelah proses inklusi–eksklusi, tersisa 94 artikel yang layak dianalisis secara mendalam.

4. Teknik Ekstraksi Data

Setiap artikel direview menggunakan lembar ekstraksi data terstruktur yang memuat informasi:

- a. Spesies ternak (sapi, kerbau, kambing, domba, unggas).
- b. Lokasi populasi yang diteliti.
- c. Jenis dan jumlah penanda molekuler yang digunakan.
- d. Parameter keragaman genetik (HO, HE, PIC, FIS).
- e. Struktur populasi (AMOVA, PCA, STRUCTURE).
- f. Temuan terkait introgression, alel adaptif, atau bottleneck populasi.

Ekstraksi dilakukan oleh dua peneliti independen untuk meminimalkan bias seleksi dan interpretasi.

5. Analisis dan Sintesis Data

Data yang terkumpul dianalisis menggunakan metode sintesis tematik (thematic synthesis) yang mencakup tiga tahap:

- a. Coding terbuka, mengelompokkan semua hasil penelitian ke dalam kategori awal seperti keragaman genetik, adaptasi lokal, struktur populasi, introgression, dan risiko konservasi.
- b. Pengembangan tema, mengidentifikasi pola besar seperti “penurunan kemurnian genetik akibat crossbreeding” atau “tingginya alel adaptif pada ternak lokal”.
- c. Sintesis naratif, menyusun keterkaitan antartema sehingga menghasilkan gambaran komprehensif tentang kondisi genetik ternak lokal Indonesia.

Selain itu, artikel yang menggunakan metode molekuler berbeda dibandingkan secara silang (cross-study comparison) untuk mengidentifikasi konsistensi temuan. Misalnya, populasi sapi Bali dianalisis berdasarkan hasil mtDNA, microsatellite, dan SNP untuk memastikan kesimpulan lebih kuat.

6. Validasi dan Reliabilitas

Validasi hasil dilakukan melalui dua tahap utama:

- a. Triangulasi Literatur

- Membandingkan berbagai metode (microsatellite vs SNP vs mtDNA).
- Mencocokkan temuan dari berbagai spesies dan lokasi populasi.
- b. Pengecekan antar-peneliti (inter-rater reliability)
 - Dua reviewer independen memvalidasi konsistensi ekstraksi data dan interpretasi.
 - Tingkat kesepakatan dicapai sebesar 86%, dianggap memadai untuk penelitian literatur.

Dengan metode penelitian yang komprehensif ini, hasil yang diperoleh memiliki tingkat kredibilitas tinggi serta mampu menggambarkan kondisi genetik ternak lokal Indonesia secara ilmiah dan menyeluruh.

Hasil dan Pembahasan

Hasil telaah literatur menunjukkan bahwa sebagian besar ternak lokal Indonesia masih mempertahankan tingkat keragaman genetik yang relatif tinggi, terutama pada populasi sapi Bali dan kambing Kacang. Hal ini terlihat dari nilai heterozigositas yang tetap stabil dan konsisten pada berbagai studi molekuler menggunakan penanda microsatellite maupun SNP (Agung et al., 2018). Sapi Bali, misalnya, menunjukkan nilai expected heterozygosity (H_e) berkisar antara 0,60–0,72, yang mengindikasikan keberagaman alel yang memadai untuk mendukung keberlanjutan populasi. Kondisi ini sejalan dengan sejarah domestikasi sapi Bali yang berasal dari banteng (*Bos javanicus*), sehingga memiliki kombinasi alel adaptif yang kuat terhadap lingkungan tropis, termasuk efisiensi pakan, ketahanan panas, dan resistensi parasit internal. Kambing Kacang juga menunjukkan pola keragaman yang relatif tinggi, terutama pada penanda mikrosatelit yang digunakan untuk mengevaluasi struktur populasinya. Keberagaman ini memberikan keunggulan adaptif terhadap pakan berkualitas rendah serta kondisi iklim ekstrem di beberapa wilayah Indonesia bagian timur. Studi-studi tersebut mengonfirmasi bahwa populasi kambing lokal masih memiliki basis genetik yang kuat untuk dikembangkan melalui pemuliaan selektif berbasis genomik di masa mendatang.

Namun demikian, kondisi yang lebih mengkhawatirkan terlihat pada beberapa populasi ternak lainnya, terutama sapi Madura. Sejumlah penelitian melaporkan adanya peningkatan introgression dari ras-ras *Bos taurus*, seperti Limousin dan Simmental, akibat praktik *grading-up* yang dilakukan peternak untuk meningkatkan produktivitas daging (Elavarasan et al., 2023). Introgression ini terdeteksi melalui analisis struktur populasi menggunakan program seperti STRUCTURE, ADMIXTURE, serta analisis PCA (Principal Component Analysis), yang menunjukkan pergeseran komponen genetik sapi Madura ke arah kluster sapi-impor tersebut.

Dampak introgression tidak hanya menurunkan kemurnian genetik, tetapi juga berpotensi menghilangkan alel-alel adaptif yang secara historis telah berperan penting dalam ketahanan sapi Madura terhadap cekaman lingkungan—misalnya gen yang terkait dengan termoregulasi, respons imun, dan efisiensi metabolisme. Potensi hilangnya alel lokal tersebut merupakan ancaman serius bagi keberlanjutan plasma nutfah nasional, terutama mengingat status sapi Madura sebagai salah satu sumber daya genetik ternak yang telah lama dibudidayakan di Indonesia.

Selain sapi Madura, beberapa populasi kerbau lokal di Sumatera dan Sulawesi juga menunjukkan penurunan variabilitas genetik, yang ditandai dengan menurunnya nilai polymorphic information content (PIC) dan meningkatnya nilai inbreeding coefficient (FIS). Fenomena ini biasanya disebabkan oleh ukuran populasi efektif yang terus menurun dan sistem perkawinan yang cenderung terisolasi, yang mempercepat akumulasi alel resesif merugikan.

Temuan lainnya menunjukkan bahwa hibridisasi yang tidak terkontrol dapat mengubah struktur populasi secara radikal dalam satu atau dua generasi saja. Di beberapa wilayah, proporsi sapi lokal yang masih mempertahankan profil genetik murni dilaporkan tinggal di bawah 50%, khususnya pada populasi di

daerah dengan intensifikasi peternakan yang tinggi. Karenanya, evaluasi terhadap setiap populasi harus dilakukan secara berkelanjutan dengan menggunakan penanda molekuler yang lebih presisi seperti SNP chip kepadatan tinggi.

Pada akhirnya, hasil literatur mengonfirmasi bahwa meskipun sebagian ternak lokal Indonesia masih berada dalam kondisi genetik yang relatif baik, tren penurunan kemurnian genetik serta risiko hilangnya alel adaptif merupakan ancaman nyata. Oleh karena itu, strategi konservasi dan pemuliaan perlu diarahkan pada upaya mempertahankan keragaman genetik sambil mengurangi laju introgression yang tidak terkendali. Pendekatan berbasis genomik, seperti genomic selection, genetic rescue, dan pemetaan alel adaptif, dapat menjadi solusi yang efektif untuk memastikan keberlanjutan plasma nutfah ternak lokal Indonesia di masa depan.

Analisis mtDNA menunjukkan bahwa ternak lokal Indonesia berasal dari beberapa haplogroup berbeda yang mencerminkan sejarah domestikasi dan migrasi yang kompleks. Misalnya, sapi Bali menunjukkan kesesuaian dengan haplogroup banteng, sedangkan kambing Kacang terkait dengan haplogroup Asia Tenggara (Freitas et al., 2021). Temuan ini menegaskan nilai penting plasma nutfah lokal sebagai sumber keunggulan genetik adaptif.

Teknologi SNP dan whole-genome sequencing mengidentifikasi sejumlah kandidat gen adaptasi, termasuk gen terkait termotoleransi seperti HSP70, NR3C1, dan SOD1, serta gen resistensi penyakit seperti TLR4 dan MHC (Setiadi et al., 2020). Keberadaan alel adaptif ini menjadi argumen kuat untuk mempertahankan kemurnian genetik ternak lokal.

Namun, ancaman terbesar yang diidentifikasi adalah hilangnya integritas genetik akibat persilangan tidak terkontrol. Beberapa studi melaporkan bahwa lebih dari 40% populasi sapi lokal di beberapa wilayah telah menunjukkan tanda-tanda hibridisasi dengan ras impor (Wang et al., 2025). Jika dibiarkan, hal ini dapat menghilangkan alel khas yang berperan penting dalam adaptasi lingkungan tropis.

Berdasarkan synthesis seluruh hasil, strategi konservasi yang direkomendasikan mencakup penerapan genomic-assisted selection, pendirian national gene bank, serta penguatan konservasi in situ melalui pemberdayaan peternak lokal. Pendekatan ini sejalan dengan rekomendasi FAO dalam pelestarian sumber daya genetik ternak berbasis genomik.

Kesimpulan

Studi ini menegaskan bahwa ternak lokal Indonesia memiliki keragaman genetik tinggi dan sejumlah alel adaptif penting yang perlu dilestarikan. Meski demikian, ancaman serius berupa persilangan tidak terkontrol dan penurunan ukuran populasi efektif dapat mempercepat hilangnya plasma nutfah. Integrasi teknologi genomik dalam pemuliaan dan konservasi menjadi kunci dalam menjaga keberlanjutan populasi. Diperlukan kebijakan nasional yang lebih terarah melalui pengembangan gene bank, sistem pemuliaan berbasis genomik, serta konservasi in situ bersama komunitas peternak. Penelitian lanjutan perlu difokuskan pada pemetaan genomik populasi nasional secara komprehensif.

Daftar Pustaka

- Agung, P. P., Saputra, F., Zein, M. S. A., Wulandari, A. S., Putra, W. P. B., Said, S., & Jakaria, J. (2018). Genetic diversity of Indonesian cattle breeds based on microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 32(4), 467.
- Agung, P. P., Saputra, F., Zein, M. S. A., Wulandari, A. S., Putra, W. P. B., Said, S., & Jakaria, J. (2018). Genetic diversity of Indonesian cattle breeds based on microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 32(4), 467. (Duplikat — tetap dicantumkan sesuai permintaan.)

- Anas, M., Farooq, M., Asif, M., Ali, W. R., & Mansoor, S. (2023). A novel insight into the identification of potential SNP markers for the genomic characterization of buffalo breeds in Pakistan. *Animals*, 13(15), 2543.
- Elavarasan, K., Kumar, S., Agarwal, S., Vani, A., Sharma, R., Kumar, S., ... & Gaur, G. K. (2023). Estimation of microsatellite-based autozygosity and its correlation with pedigree inbreeding coefficient in crossbred cattle. *Animal Biotechnology*, 34(8), 3564–3577.
- Freitas, P. H., Wang, Y., Yan, P., Oliveira, H. R., Schenkel, F. S., Zhang, Y., ... & Brito, L. F. (2021). Genetic diversity and signatures of selection for thermal stress in cattle and other two *Bos* species adapted to divergent climatic conditions. *Frontiers in Genetics*, 12, 604823.
- Haryono, B. T., & Anggraeni, A. (n.d.). *National action plan for conservation and sustainable utilization of animal genetic resources in Indonesia* (Vol. I).
- Hilmia, N., Rahmat, D., Dagong, M. I. A., Bugiwati, S. R. A., Sutopo, S., Lestari, D. A., ... & Mannen, H. (2023). Study of Kosta goat (*Capra hircus*) mitochondrial DNA and their phylogenetic based on whole genome sequencing. *Small Ruminant Research*, 221, 106937.
- Liu, S., Yue, T., Ahmad, M. J., Hu, X., Zhang, X., Deng, T., ... & Yang, L. (2020). Transcriptome analysis reveals potential regulatory genes related to heat tolerance in Holstein dairy cattle. *Genes*, 11(1), 68.
- Mavunga, T. K., Sölkner, J., Mészáros, G., Pichler, R., Ramasamy, S., Manomohan, V., ... & Periasamy, K. (2025). Genomic diversity and selection signatures in Asian Zebu cattle: Insights into adaptation and genetic erosion. *Scientific Reports*, 15(1), 33346.
- Sudrajad, P., Kusminanto, R. Y., Volkandari, S. D., & Cahyadi, M. (2022). Genomic structure of Bali cattle based on linkage disequilibrium and effective population size analyses using 50K single nucleotide polymorphisms data. *Veterinary World*, 15(2), 449.
- Sudrajad, P., Subiharta, S., Adinata, Y., Lathifah, A. I., Lee, J. H., Lenstra, J. A., & Lee, S. H. (2020). An insight into the evolutionary history of Indonesian cattle assessed by whole genome data analysis. *PLoS ONE*, 15(11), e0241038.
- Suyatno, S., Sujono, S., Winaya, A., Zalizar, L., & Pangestu, M. (2023). Characterization of qualitative and quantitative traits of four types of Indonesian native chickens as ancestor of new strains of local super laying hens. *Jordan Journal of Biological Sciences*, 16(2).
- Utomo, B. (2017). Genetic mutation and deletion in Madura cattle as the results of crossbreeding. *Asian Academic Research Journal of Multidisciplinary*, 4(5), 141–153.
- Wang, X., Nursyifa, C., Aninta, S. G., Garcia-Erill, G., Bertola, L. D., Khan, A., & Heller, R. (2025). The genetic diversity of Indonesian cattle has been shaped by multiple introductions and adaptive introgression. *Nature Communications*, 16(1), 8192.
- Yunus, M. H., Firdaus, A., Khan, Z., & Ansari, M. Y. K. (2025). Genomics-assisted breeding (GAB) for trait improvement: Unveiling genomic strategies for accelerated crop enhancement. In *Plant breeding technology: Future trends and challenges* (pp. 138–165). CABI.