

## Genetic Diversity of Native Goat

<b>Nama</b>	:	Nico Himawan G34103060
<b>Pembimbing</b>	:	Achmad Farajallah                      Bess Tresnamurti
<b>Tanggal Lulus</b>	:	11-Sep-07
<b>Judul Skripsi</b>	:	Keragaman Genetik Kambing Lokal Berdasarkan Genom Mitokondria Genetic Diversity of Native Goat Based on Mitochondrial Genome

### Abstrak:

Kambing (*Capra hircus*) dimasukkan pertama kali ke Indonesia sebagai hewan ternak sekitar tahun 1700-an, yang kemudian berkembang menjadi ternak lokal. Peningkatan mutu ternak kambing sebagian besar dilakukan dengan cara mengawinkan ternak betina dengan jantan unggul yang didatangkan dari daerah lain. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui keragaman genetik kambing ternak lokal berdasarkan Daerah Pengendali DNA mitokondria. Sampel yang digunakan adalah kambing ternak lokal yang berasal dari Sumatera Utara, Muara-Tapanuli Utara, Samosir, Marica-Sulawesi Selatan, dan Gembrong-Bali. Amplifikasi DNA mitokondria secara *in vitro* dilakukan dengan metode Polymerase Chain Reaction (PCR). Produk amplifikasi yang dihasilkan sebesar 1700 pasang basa. Produk amplifikasi tersebut dipotong dengan lima enzim restriksi, yaitu MboI, DdeI, AluI, HaeIII, dan BamHI. Dari 102 sampel yang dianalisis, ditemukan dua haplotipe. Haplotipe 1 terdapat pada seluruh wilayah, sedangkan haplotipe 2 hanya terdapat pada empat sampel yang berasal dari Marica Sulawesi Selatan. Hasil sekuensing yang telah dialignment dengan beberapa individu kambing yang terdapat pada GenBank, menunjukkan bahwa kambing-kambing ternak lokal di dunia memiliki kekerabatan yang dekat (98,8 %) dan berasal dari induk yang sama.

### Abstract:

Goats (*Capra hircus*) since first entered to Indonesia were used for livestock, approximately in 1700, and then were developed into locally breed animal. Breeds up grading, mostly done by bred the female with the excellent male which taken from the other region. This research was conducted to investigate the diversity among domestic goats based on mtDNA's Control Region. Samples that were used in this research were native goats from Sumatera Utara, Muara-Tapanuli Utara, Samosir, Marica-Sulawesi Selatan, and Gembrong-Bali. By *in vitro* amplification with Polymorphism Chain Reaction method (PCR), yielded 1700 base pair long. The PCR product was digested with five restriction enzymes, which were MboI, DdeI, AluI, HaeIII, and BamHI. Two haplotypes were detected among 102 samples. Haplotype 1 found in all sample locations, while haplotype 2 was only found in four samples from Marica of Sulawesi Selatan. Sequencing products which had been aligned with some goat control region's sequence in GenBank, showed that domestic goats in the world were closely related (98,8 %) and descended from a same ancestor.

[ [Skripsi Lengkap - fulltext](#) ]