

# Keragaman Fenotip dan Pendugaan Jarak Genetik Ayam Kampung Super Menggunakan Analisis Morfometrik (Phenotypic Diversity and Estimation of Genetic Distance of Super free-range Chickens Using Morphometric Analysis)

Putri Rahmadhani<sup>1</sup>, Rusli Badaruddin<sup>1</sup>, Rahim Aka<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Animal, Halu Oleo University, South East Sulawesi, Indonesia

rahim.aka05@gmail.com

**Abstrak.** Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji keragaman fenotip dan pendugaan jarak genetik yang dianalisis menggunakan analisis morfometrik. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret sampai dengan April 2021. Teknik pengambilan sampel yang dilakukan dalam penelitian yaitu dengan melakukan pengukuran secara langsung pada 300 ekor Ayam Kampung Super (AKS) berumur 2 bulan yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda. Variabel yang diamati pada penelitian ini adalah bobot badan, panjang shank, panjang femur, panjang tibia, panjang rentang sayap, lingkaran dada, panjang punggung dan panjang paruh. Hasil penelitian menunjukkan bahwa koefisien keragaman yang relatif tinggi pada ayam kampung super yang tersebar di tiga lokasi sumber bibit yang berbeda dari masing-masing peubah terdapat pada bibit AKS Bogor yaitu panjang rentang sayap (20,88) dan panjang punggung (18,58). Nilai jarak genetik yang terkecil yaitu (3,41) yang menunjukkan bahwa bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bogor memiliki hubungan kekerabatan yang dekat, kemudian diikuti bibit AKS Bogor dan bibit AKS Bekasi yaitu (5,15) dan nilai terbesar pada bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bogor yaitu (9,67) yang menunjukkan bahwa bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bogor memiliki hubungan kekerabatan yang cukup jauh.

**Kata Kunci :** Ayam Kampung Super, Keragaman Fenotip, Jarak Genetik, Analisis Morfometrik.

**Abstract.** This study aims to examine the phenotypic diversity and the estimation of genetic distance analyzed using morphometric analysis. This research was conducted from March to April 2021. The sampling technique used in the study was by measuring directly on 300 2-month-old super free-range chickens from three different breeder locations. The variables observed in this study were body weight, shank length, femur length, tibia length, wing span length, chest circumference, back length and beak length. The results showed that the relatively high coefficient of diversity in super free-range chickens spread over three different breeder groups from each variable was found in seeds from Bogor, namely wing span length (20.88) and back length (18.58). The smallest value of genetic distance is (3.41) which indicates that seeds from Yogyakarta and seeds from Bogor have a close kinship relationship, followed by seeds from Bogor and seeds from Bekasi, namely (5.15) and the largest value for seeds from Yogyakarta and seeds from Bogor is (9 ,67) which indicates that seeds from Yogyakarta and seeds from Bogor have a fairly distant relationship.

**Keywords :** Super free-range Chickens, Phenotypic Diversity, Genetic Distance, Morphometric Analysis.

## 1. Pendahuluan

Indonesia kaya akan sumber daya genetik ternak, namun keberadaannya belum dikaji secara optimal. Salah satu potensi sumber daya genetik ternak adalah ayam lokal. Ayam lokal merupakan hasil domestikasi ayam hutan dan dapat dikelompokkan menjadi tipe pedaging, petelur, dwiguna atau sebagai ayam hias atau kegemaran [1]. Ayam kampung super adalah salah satu jenis ayam lokal yang banyak dibudidayakan di Indonesia, salah satunya Provinsi Sulawesi Tenggara. Ayam kampung super

adalah ayam kampung yang berasal dari hasil persilangan antara ayam ras petelur dan ayam kampung [2].

Salah satu faktor yang perlu diperhatikan untuk meningkatkan produksi ternak adalah faktor genetik. Ternak yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dapat diduga akan kecil peluangnya untuk meningkatkan heterosis dalam persilangannya. Oleh karena itu, sebelum melakukan perkawinan perlu diperhatikan terlebih dahulu jarak genetik antar ternak. Hal ini bertujuan untuk mendapatkan sifat yang lebih unggul dan menguntungkan.

Jarak genetik diukur berdasarkan frekuensi gen yang menunjukkan keragaman genetik dalam suatu bangsa. Untuk mengetahui jarak genetik dapat diukur berdasarkan peubah yang dapat membedakan rumpun ayam. Peubah yang dapat dijadikan indikator dalam pendugaan jarak genetik adalah bobot badan, panjang *shank* (*Tarsometatarsus*), panjang *femur* (paha), panjang *tibia* (betis), panjang rentang sayap, lingkaran dada, panjang punggung dan panjang paruh. Metode pengukuran jarak genetik dapat dilakukan melalui analisis morfometrik. Studi morfometri didasarkan pada sekumpulan data pengukuran yang mewakili variasi bentuk dan ukuran hewan (ternak) [3].

## 2. Materi dan Metode

### 2.1. Waktu dan Tempat

Penelitian ini telah dilaksanakan pada bulan Maret 2021 sampai April 2021 di tiga lokasi peternakan Ayam Kampung Super yang berbeda, yaitu Laboratorium Unit Ternak Unggas Fpt UHO, Kelurahan Lalolara Kecamatan Kambu dan Desa Alebo, Kecamatan Konda.

### 2.2. Materi

Bahan-bahan yang digunakan untuk penelitian ini terdiri atas 300 ekor ayam kampung super jantan dan betina dengan umur 2 bulan, yang berasal dari tiga lokasi peternak yang berbeda di Kota Kendari. Peternak pertama, bibit ayam kampung super berasal dari Yogyakarta. Peternak kedua, bibit ayam kampung super berasal dari Bogor, Jawa Barat. Peternak ketiga, bibit ayam kampung super berasal dari Bekasi, Jawa Barat.

### 2.3. Metode

Teknik pengambilan sampel yang dilakukan dalam penelitian ini yaitu dengan melakukan pengukuran menggunakan alat ukur secara langsung pada ayam. Variabel yang diamati pada penelitian ini adalah ukuran morfologi tubuh ayam kampung super yaitu bobot badan, panjang shank, panjang femur, panjang tibia, panjang rentang sayap, lingkaran dada, panjang punggung dan panjang paruh.

### 2.4. Rancangan Penelitian

Jarak genetik dihitung melalui pendekatan jarak Mahalanobis sebagai ukuran jarak kuadrat genetik minimum (Nei 1987). Pendekatan jarak mahalanobis dengan matriks peragam antara peubah berdasarkan lokasi penelitian (*pooled*) disusun menjadi sebuah matriks yang digunakan untuk mengetahui fungsi diskriminan. Hasil penggabungan dapat dijelaskan dalam bentuk matriks:

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

Jarak genetik minimum menurut Nei (1987) dihitung menggunakan rumus :

$$D_{(i/j)}^2 = (\bar{x}_i - \bar{x}_j)C^{-1}(\bar{x}_i - \bar{x}_j)$$

$D_{(i/j)}^2$  = nilai statistik Mahalanobis sebagai ukuran jarak kuadrat genetik antar dua lokasi (antara lokasi i terhadap lokasi j)

$C^{-1}$  = kebalikan matriks gabungan ragam peragam antar peubah

$\bar{x}_i$  = vektor nilai rata-rata pengamatan dari ayam ke-i pada masing-masing peubah

$\bar{x}_j$  = vektor nilai rata-rata pengamatan dari ayam ke-j pada masing-masing peubah

Analisis data menggunakan alat bantu SAS yang terdiri dari Proc Candisc digunakan untuk menentukan variabel pembeda ayam. Proc Discrim digunakan untuk mengetahui persentase kesamaan

dan jarak genetik ayam pada lokasi yang berbeda. Hasil analisis diskriminan digunakan untuk menentukan jarak genetik yang akan membentuk pohon filogenetik dengan menggunakan SPSS 16.0.

### 3. Hasil dan Pembahasan

#### 3.1 Keragaman Ayam Kampung Super yang Berasal dari Tiga Lokasi Sumber Bibit yang Berbeda

**Tabel 1.** Rataan dan koefisien keragaman Ayam Kampung Super (AKS) yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda

Ukuran Tubuh	Bibit AKS Yogyakarta		Bibit AKS Bogor		Bibit AKS Bekasi	
	$\bar{x} \pm SD$	KK (%)	$\bar{x} \pm SD$	KK (%)	$\bar{x} \pm SD$	KK (%)
BB (kg)	990,32 ± 74,77	7,55	1177,02 ± 172,99	14,70	982,38 ± 107,27	10,92
PS (cm)	7,83 ± 0,79	10,07	7,72 ± 0,67	8,63	7,85 ± 0,68	8,67
PF (cm)	8,96 ± 0,96	10,73	8,54 ± 0,98	11,44	8,64 ± 0,85	9,89
PT (cm)	11,60 ± 1,04	8,94	11,21 ± 1,17	10,44	11,27 ± 1,58	13,98
PRs (cm)	17,22 ± 2,75	15,95	16,53 ± 3,45	20,88	18,88 ± 2,04	10,80
LD (cm)	25,09 ± 1,80	7,19	25,33 ± 2,06	8,14	24,42 ± 2,75	11,24
PP (cm)	18,25 ± 1,85	10,13	16,45 ± 3,06	18,58	17,91 ± 1,81	10,12
PPr (cm)	2,38 ± 0,33	14,03	1,83 ± 0,19	10,53	2,01 ± 0,16	8,01

Keterangan :  $\bar{X}$  = Rataan bobot dan ukuran tubuh; SD = Standar deviasi; KK = Koefisien Keragaman; BB = Bobot Badan; PS = Panjang Shank; PF = Panjang Femur; PT Panjang Tibia; PRs Panjang Rentang Sayap; LD = Lingkar Dada; PP = Panjang Punggung; PPr = Panjang Paruh

Hasil analisis ragam menunjukkan bahwa koefisien keragaman yang relatif tinggi pada ayam kampung super yang tersebar di tiga lokasi sumber bibit yang berbeda dari masing-masing peubah terdapat pada bibit AKS Bogor yaitu panjang rentang sayap (20,88%) dan panjang punggung (18,58%). Pada bibit AKS Yogyakarta koefisien keragaman tertinggi juga terdapat pada panjang rentang sayap (15,95%) sedangkan pada bibit AKS Bekasi koefisien keragaman tertinggi terdapat pada panjang tibia (13,98%). Nilai keragaman dapat dikatakan tinggi jika lebih dari atau sama dengan 15%. Kategori keragaman ayam kampung dapat dibedakan menjadi tiga, yaitu tinggi ( $KK \geq 15\%$ ), sedang ( $5\% < KK < 15\%$ ) dan rendah ( $KK \leq 5\%$ ) [4].

#### 3.2 Nilai Kesamaan dan Campuran di Dalam dan di Antara Tiga Lokasi Sumber Bibit yang Berbeda

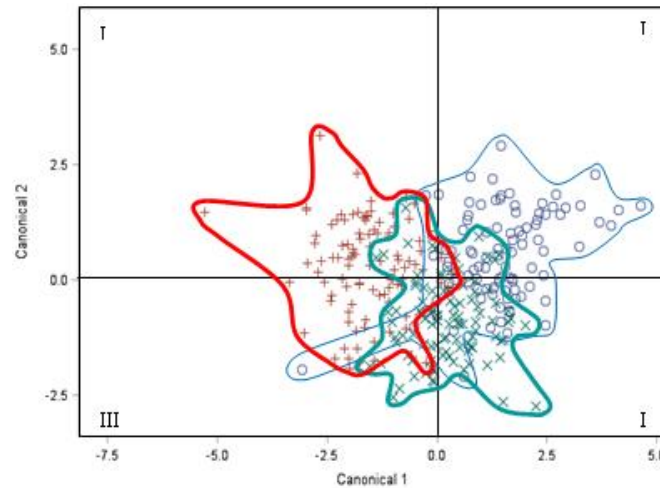
**Tabel 2.** Persentase (%) nilai kesamaan dan campuran di dalam dan di antara ayam yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda

	Bibit AKS Yogyakarta (%)	Bibit AKS Bogor (%)	Bibit AKS Bekasi (%)	Total (%)
BibitAKS Yogyakarta (%)	83	2	15	100
Bibit AKS Bogor (%)	1	90	9	100
Bibit AKS Bekasi (%)	14	5	81	100

Keterangan : AKS = Ayam Kampung Super

Hasil analisis diskriminan menunjukkan bahwa nilai kesamaan ukuran tubuh ayam kampung super dari rendah ke tinggi berturut-turut 81% dari bibit AKS Bekasi, 83% dari bibit AKS Yogyakarta, dan 90% dari bibit AKS Bogor. Jika terdapat angka yang besar dalam suatu bangsa menunjukkan tidak ada campuran dari bangsa lain sehingga ukuran tubuh memang benar ukuran bangsa tersebut [5]. Perubahan fisiologis tersebut disebabkan adanya mutasi gen sebagai respon dari lingkungan dan pada akhirnya perubahan tersebut diabadikan oleh gen [6]. Bibit AKS Yogyakarta memiliki campuran 2% pada Bibit AKS Bogor dan 15% pada bibit AKS Bekasi. Sedangkan, pada bibit AKS Bogor memiliki campuran 1% pada bibit AKS Yogyakarta dan 9% pada bibit AKS Bekasi. Bibit AKS Bekasi memiliki campuran 14% pada bibit AKS Yogyakarta dan 5% pada bibit AKS Bogor. Nilai campuran yang tinggi terjadi karena adanya persilangan yang dilakukan oleh peternak dengan menggabungkan beberapa bangsa ayam dengan tujuan untuk mendapatkan sifat fisiologis agar dapat bertahan hidup dalam lingkungannya.

### Penyebaran Galur Ayam Kampung Super Menurut Ukuran Morfometrik



Keterangan:

- : Bibit Ayam Kampung Super (AKS) Yogyakarta
- +

+

x : Bibit Ayam Kampung Super (AKS) Bekasi

Hasil analisis diskriminan menunjukkan bahwa secara morfologis ketiganya cenderung menumpuk ke bagian tengah garis seperti yang terlihat pada Gambar 1. hal ini menunjukkan bahwa ketiga sumber bibit memiliki jarak genetik yang cukup dekat. Sifat himpitan yang cukup dalam tersebut mencerminkan bahwa ukuran fenotipik diantara kedua kelompok tersebut relatif dekat [7].

### 3.3 Struktur Kanonikal

**Tabel 3.** Total struktur kanonikal ayam kampung super yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda

Ukuran Morfometrik	CAN1	CAN2
Bobot Badan	-0,68	0,46
Panjang Shank	0,08	-0,06
Panjang Femur	0,21	0,16
Panjang Tibia	0,16	0,12
Panjang Rentang Sayap	0,17	-0,57
Lingkar Dada	-0,09	0,29
Panjang Punggung	0,39	-0,11
Panjang Paruh	0,82	0,42

Hasil analisis kanonikal diskriminan menunjukkan bahwa peubah ukuran tubuh ayam kampung super pada variabel panjang paruh (0,82) pada CAN 1 dan bobot badan (0,46) pada CAN 2 dapat digunakan sebagai peubah pembeda dalam penelitian ini karena menunjukkan nilai positif yang tinggi seperti yang tersaji pada Tabel 3. Variabel dengan nilai positif yang tinggi seperti panjang paruh (0,82) dan bobot badan (0,46) dapat diindikasikan sebagai variabel pembeda pada ukuran tubuh, sedangkan hasil yang bernilai negatif seperti panjang rentang sayap, panjang shank, panjang punggung dan lingkar dada diindikasikan kurang dapat digunakan sebagai variabel pembeda pada ayam kampung super yang diamati. Apabila hasil analisis komponen utama merupakan angka negatif, maka hal ini kurang dapat digunakan sebagai peubah pembeda bangsa [8].

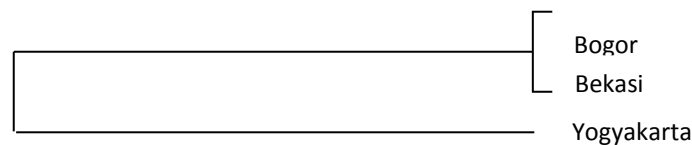
### 3.4 Matrik Jarak Genetik Ayam Kampung Super yang Berasal dari Tiga Lokasi Sumber Bibit yang Berbeda

**Tabel 4.** Matrik jarak genetik Ayam Kampung Super (AKS) yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda

Ayam	Bibit AKS Yogyakarta	Bibit AKS Bogor	Bibit AKS Bekasi
Bibit AKS Yogyakarta	0	9,67	3,41
Bibit AKS Bogor	9,67	0	5,15
Bibit AKS Bekasi	3,41	5,15	0

Hasil analisis diskriminan pada tabel 4 menunjukkan bahwa nilai matrik jarak genetik yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda, pada bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bekasi memiliki nilai jarak genetik yang terkecil yaitu (3,41) yang menunjukkan bahwa bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bekasi memiliki hubungan kekerabatan yang dekat, kemudian diikuti bibit AKS Bogor dan bibit AKS Bekasi yaitu (5,15) dan nilai terbesar pada bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bogor yaitu (9,67) yang menunjukkan bahwa bibit AKS Yogyakarta dan bibit AKS Bogor memiliki hubungan kekerabatan yang cukup jauh. Semakin jauh hubungan kekerabatan antara kedua ternak maka semakin sedikit kesamaan gen-gen dan semakin besar tingkat heterosigositas [9].

#### Pohon Filogenetik



Hasil analisis diskriminan menunjukkan bahwa hubungan jarak genetik bibit AKS Bogor cenderung lebih dekat dengan bibit AKS Bekasi dibandingkan dengan bibit AKS Yogyakarta seperti yang terlihat pada Gambar 2. Bibit AKS Yogyakarta cenderung menunjukkan garis yang berbeda dari Bibit AKS Bogor dan bibit AKS Bekasi. Hal ini dikarenakan faktor genetik dan lingkungan yang mempengaruhi keduanya, sehingga memiliki hubungan genetik yang dekat seperti yang terlihat pada Gambar 2, keduanya masih saling berkaitan.

#### 4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa koefisien keragaman yang relatif tinggi pada ayam kampung super yang berasal dari tiga lokasi sumber bibit yang berbeda dari masing-masing peubah terdapat pada bibit ayam kampung super Bogor yaitu panjang rentang sayap (20,88%) dan panjang punggung (18,58%). Nilai jarak genetik terbesar terdapat pada bibit ayam kampung super Yogyakarta dan bibit ayam kampung super Bogor yaitu (9,67) yang menunjukkan bahwa bibit ayam kampung super Yogyakarta dan bibit ayam kampung super Bogor memiliki hubungan kekerabatan yang cukup jauh.

#### 5. Daftar Pustaka

- [1] Nataamijaya AG. 2010. Pengembangan Potensi Ayam Lokal untuk Menunjang Peningkatan Kesejahteraan Petani. *J. Litbang Pertanian*.29(4).
- [2] Pakaya SA, Z Srisukmawati, dan D Safriyanto. 2019.Performa Ayam Kampung Super yang di Beri Level Penambahan Tepung Kulit Kakao (*Theobroma Cacao, L.*) Fermentasi dalam Ransum. *Jambura J. of Animal Science*.1(2):40-52.
- [3] Sembiring F, Hamdan, dan E Mirwandhono. 2012. Analisis Morfometrik Kerbau Lumpur (*Bubalus Bubalis*) Kabupaten Karo Sumatera Utara. *J. Peternakan Integratif*. 1(2):134-145.

- [4] Kurnianto E. 2010. *Ilmu Pemuliaan Ternak*. Lembaga Pengembangan dan Penjaminan Mutu Pendidikan. Universitas Diponegoro. Semarang (ID).
- [5] Setiaji A, P Suparman dan Hartoko. 2012. Produktivitas dan Pola Warna Kambing Kejobong yang Dipelihara oleh Peternak Kelompok dan Peternak Individu. *J. Ilmiah Peternakan*. 1(3):89-795.
- [6] Lawrie RA. 2002. *Ilmu Daging Edisi Kelima*. Terjemahan : Parakkasi. Universitas Indonesia. Jakarta (ID).
- [7] Suparyanto A, H Martojo, PS Hardjosworo, LH Prasetyo. 2004. Kurva Pertumbuhan Morfologi Itik Betina Hasil Silang Antara Peking dengan Mojosari Putih. *J. Ilmu Ternak dan Veteriner*. 9(2):87-89.
- [8] Brahmantiyo B, H Prasetyo, AR Setioko, dan RH Mulyono. 2003. Pendugaan Jarak Genetik dan Faktor Peubah Pembeda Galur Itik (Alabio, Bali, Khaki Campbell, Mojosari dan Pegagan) Melalui Analisis Morfometrik. *J. Ilmu Ternak dan Veteriner*. 8(1):1-7.
- [9] Simm G. 2000. *Genetic Improvement of Cattel and Sheep Farming*. Press Miller Freeman Ltd (UK).