

Review Article

Pemanfaatan informasi genom untuk eksplorasi struktur genetik dan asosiasinya dengan performan ternak di Indonesia

Pita Sudrajad ^{1,*}, Slamet Diah Volkandari ², Muhammad Cahyadi ³, Amrih Prasetyo ¹, Komalawati ¹, Sujatmiko Wibowo ⁴, Subiharta ¹

¹Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Jawa Tengah, Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian, Kementerian Pertanian, Jl. Soekarno-Hatta KM.26 No.10 Bergas, Semarang, 50552

²Pusat Penelitian Bioteknologi, LIPI, Jl. Raya Bogor KM.46 Cibinong, Bogor, 16911

³Fakultas Pertanian, Universitas Sebelas Maret, Jl. Ir. Sutami 36A, Surakarta, 57126

⁴Universitas Pakuan, Jl. Pakuan Po Box 452, Bogor, 16129

*Correspondence: pitasudrajad@pertanian.go.id; Tel.: +62-8224-457-5504

Received: January 14th, 2021; Accepted: February 24th, 2021; Published online: March 18th, 2021

Abstrak

Strategi pengembangan ternak di berbagai negara saat ini sudah banyak memanfaatkan teknologi molekuler pada tingkat genom. Genom merupakan informasi dari keseluruhan DNA yang berada dalam sel tubuh ternak, sehingga dipercaya bahwa teknologi ini mampu memetakan hubungan antara genotip-fenotip secara lebih tepat. Teknologi genom melihat keseluruhan gen yang ada dalam tubuh dan bagaimana gen-gen tersebut berinteraksi dan mempengaruhi pertumbuhan dan performa ternak. Teknologi genom dapat mendukung setiap upaya pengembangan ternak, seperti pemuliaan ternak berdasarkan sifat-sifat unggulnya, optimasi efisiensi nutrisi dengan penggunaan bahan pakan yang lebih efisien, juga dengan peningkatan kinerja reproduksinya. Dalam hal upaya perbaikan ternak di Indonesia, teknologi genom dapat dimanfaatkan untuk peningkatan ketepatan dan efisiensi program seleksi ternak. Penerapan teknologi genom di Indonesia masih menemui banyak kendala, diantaranya adanya kurangpercayaan atas manfaat yang dapat dihasilkan, biaya yang tinggi, serta dukungan data pencatatan fenotip/produktivitas ternak yang belum sempurna. Saat ini, peneliti di Indonesia telah memulai menggunakan informasi genom untuk eksplorasi struktur genetik ternak dan asosiasinya dengan performan ternak. Perlu dukungan dari semua pihak dalam meminimalisir keterbatasan penerapan teknologi genom di bidang peternakan di Indonesia.

Kata Kunci: Genom; Ternak; Indonesia

Abstract

Currently, livestock development strategies in various countries have made extensive use of molecular technology at the genome level. Genome contains information of the entire DNA within the livestock cells, therefore it is believed that this technology is able to map the relationship between genotypes and phenotypes more precisely. Genome technology describes all genes in the body and how they interact and influence the growth and performance of livestock. Genome information can support every effort for livestock development including breeding, optimizing the feed nutrition

efficiency through the use of feed ingredients more efficiently, and improving reproduction performance. In terms of efforts to improve livestock performance in Indonesia, genomic technology can be utilized to increase the accuracy and efficiency of livestock selection programs. The application of genomic technology in Indonesia still encounters many constraints, including lack of confidence on the benefits that can be generated, the high cost, as well as the incomplete recording data of livestock performance. Currently, researchers in Indonesia have started utilizing genome information to explore the genetic structure of livestock and its association with the livestock performance. Support from all stakeholders are needed to minimize the limitations of genome technology application on livestock in Indonesia.

Keywords: Genome; Livestock; Indonesia

PENDAHULUAN

Seiring pesatnya perkembangan teknologi, riset terkait pemanfaatan teknologi molekuler untuk pemuliaan, perbaikan genetik dan perbibitan ternak telah masuk ke ranah genom. Genom pada ternak merupakan informasi keseluruhan DNA yang berada dalam sel di tubuh ternak tersebut. Perbedaan antara genetik dan genom prinsipnya adalah kajian genetik cenderung mempelajari suatu gen tunggal, sedangkan kajian genom melihat keseluruhan gen yang ada dalam tubuh dan bagaimana gen-gen tersebut berinteraksi sehingga mempengaruhi pertumbuhan dan perkembangan suatu individu. Oleh karena itu, teknologi genom dipercaya dapat memetakan gen pada tubuh ternak secara lebih tepat [1]. Berbagai metode analisis untuk mengeksplorasi informasi genom saat ini telah berkembang dan dimanfaatkan oleh banyak kalangan, termasuk para peneliti di Indonesia. Studi tentang genom pada ternak lokal Indonesia pada saat ini masih fokus untuk mengetahui struktur genetiknya [2, 3, 4] dan baru sedikit kajian yang membahas keterkaitannya dengan sifat fenotip [5, 6].

Kebanyakan khalayak mempertanyakan apa fungsi dari informasi genom ini, khususnya dalam upaya pengembangan ternak di Indonesia, mengingat biaya yang dibutuhkan untuk mendapatkan data genom tersebut tidaklah murah. Sebagai contoh, pada tahun 2018 untuk mendapatkan data genotip dari DNA sapi yang terdiri dari 50.000 varian dibutuhkan biaya sekitar 160 USD per sampel [7]. Sebaliknya, kompleksitas permasalahan peternakan di Indonesia yang tinggi menjadikan semakin kecilnya peluang

penerapan analisis genom ternak untuk bisa mendapatkan dukungan yang berakibat beberapa analisis terkait genom pada ternak lokal di Indonesia banyak dikerjakan oleh para peneliti dari luar negeri [8, 9, 10].

Sekuen genom pada ternak yang pertama kali diselesaikan yakni pada ayam (tahun 2004) lalu diikuti pada sapi (2006), domba (2008), kemudian kuda, babi, dan kelinci (2009). Namun, pengembangan panel *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) untuk karakterisasi genom pada sapi pertama kali dipublikasikan tahun 2009. Sejak saat itu, negara maju seperti Amerika Serikat, Inggris, Jepang dan Korea Selatan mulai mengembangkan dan mengambil manfaat dari informasi genom pada ternak [11]. Negara Brazil, China, Afrika dan India bahkan telah mendirikan pusat penelitian genom untuk eksplorasi potensi sumber daya ternak yang dimiliki [12]. Aplikasi teknologi genom di negara maju telah digunakan dalam program seleksi sapi perah dan berhasil meningkatkan akurasi seleksi, mengurangi biaya uji zuriat, memperpendek interval generasi, dan memungkinkan untuk mengidentifikasi sejak awal sifat-sifat resesif yang tidak dikehendaki pada ternak. Negara-negara berkembang, termasuk Indonesia sebenarnya memiliki potensi dan sumber daya ternak yang belum dioptimalkan. Sistem pemuliabiakan ternak masih berjalan secara konvensional, sehingga memerlukan waktu yang lebih lama untuk mendapatkan ternak bibit yang unggul. Oleh karena itu, aplikasi teknologi genom untuk akselerasi pengembangan ternak lokal di Indonesia perlu didorong.

Kementerian Pertanian melalui Balai Besar Penelitian dan Pengembangan

Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen) pada tahun 2017 telah menginisiasi diwujudkannya Konsorsium Genom Badan Litbang Pertanian. Salah satu target yang akan diwujudkan adalah dibangunnya pusat data (*database*) genom komoditas pertanian di Indonesia. *Database* yang dimaksud kini sudah mulai dapat diakses melalui alamat website <http://genom.litbang.pertanian.go.id>. Informasi yang tersedia untuk genom ternak pada website tersebut sementara ini masih terbatas pada 54.609 SNP pada genom sapi Peranakan Ongole yang didapatkan melalui proses genotyping menggunakan Illumina Bovine50K SNP Beadchip [2]. Agar *database* genom dapat bermanfaat secara lebih luas, perlu dilakukan analisis lebih mendalam mengenai hubungan antara marka pada genom tersebut dengan karakteristik fenotip ternak-ternak lokal di Indonesia. Analisis yang dimaksud lebih dikenal dengan istilah *Genome-wide Association Study* (GWAS). Analisis GWAS dapat diselesaikan melalui berbagai *software* yang telah tersedia dan banyak dikembangkan, baik yang membutuhkan lisensi maupun yang gratis [13].

Makalah ini memberikan ulasan mengenai potensi dan manfaat yang bisa didapatkan dari analisis pada data/informasi genom untuk pengembangan ternak di Indonesia. Harapan ke depan, dukungan terhadap pemanfaatan teknologi genom ternak di Indonesia semakin besar, sehingga dapat mengejar ketertinggalan atas negara-negara maju dalam upaya pengembangan ternak-ternak lokal.

INFORMASI GENOM DAN MANFAATNYA UNTUK PENGEMBANGAN TERNAK

Informasi genom yang dimaksud dalam makalah ini adalah keseluruhan data genotip dalam tubuh ternak hasil identifikasi melalui panel yang tersusun atas ribuan SNP. Yang dimaksud dengan SNP adalah setiap perubahan basa/genotip pada nukleotida di posisi tertentu dalam urutan DNA [14]. SNP ditemui dan menyebar di banyak posisi pada genom, sehingga

penggunaan marka ini akan sangat menguntungkan karena memungkinkan memetakan gen dan mendeteksi lokus yang terkait sifat-sifat kuantitatif pada ternak secara lebih detail.

Pola yang umum dalam pengembangan ternak sebenarnya tidak jauh dari sebuah upaya meningkatkan produktivitas, baik secara kuantitatif maupun kualitatif. Diantara upaya tersebut, cara-cara yang bisa ditempuh antara lain dengan pemuliaan ternak berdasarkan sifat-sifat unggulnya, optimasi nutrisi dengan penggunaan bahan pakan yang lebih efisien, pengembangan ternak-ternak lokal, juga dengan peningkatan kinerja reproduksinya. Informasi genom dapat dimanfaatkan untuk mendukung setiap cara yang ditempuh dalam upaya pengembangan ternak tersebut. Pemanfaatan informasi genom tersebut tentu saja dengan menggunakan dukungan teknologi komputasi dan bioinformatika [1, 12].

Pertama, pemanfaatan teknologi genom di bidang nutrisi ternak yaitu dapat digunakan untuk mempelajari efek spesifik dari asupan nutrisi pakan terhadap tubuh ternak, baik efek positif atau menguntungkan bagi ternak dan negatif yaitu yang berbahaya bagi ternak. Hal ini disebabkan, nutrisi yang terkandung dalam pakan apabila dikonsumsi oleh ternak dapat mengatur berbagai fungsi tubuh ternak secara langsung atau dengan merangsang atau menonaktifkan regulator tertentu, mempengaruhi proses molekuler, sehingga akhirnya menentukan ekspresi gen [15]. Selain itu, dengan teknologi genom juga dapat diketahui pengaruh dari variasi genetik terhadap efek yang ditimbulkan dari jenis nutrisi pakan atas fenotip/performa ternak [16]. Lebih jauh, manfaat aplikasi teknologi genom di bidang nutrisi yaitu dapat meningkatkan efisiensi pakan dan penggunaan bahan pakan yang baik untuk ternak. Terlebih lagi, karena biaya pakan merupakan proporsi pembiayaan terbesar dalam usaha peternakan, pemanfaatan genom untuk efisiensi pakan diharapkan memberikan terobosan dan manfaat yang besar bagi peternak. Beberapa contoh kajian yang telah menggunakan teknologi genom dalam nutrisi ternak ditampilkan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Contoh aplikasi genom dalam bidang nutrisi ternak

Jenis Ternak	Kajian	Referensi
Sapi Potong/ Sapi Perah	Hubungan antara genom dengan efisiensi pakan pada sapi potong.	[17, 18]
	Seleksi genom berdasarkan sifat efisiensi pakan pada sapi perah.	[19, 20]
Kambing/ Domba Unggas	Efek pemberian suplemen pakan pada domba.	[21, 22]
	Efek pemberian suplementasi pakan terhadap produktivitas ayam.	[23, 24]

Kedua, teknologi genom pada bidang pemuliaan ternak sudah banyak dimanfaatkan secara luas, mulai dari kajian karakterisasi ternak, identifikasi keanekaragaman bangsa ternak, hingga kajian asosiasi antara marka pada genom dengan sifat fenotipik sebagai dasar seleksi ternak. Bahkan, teknologi genom mampu digunakan untuk memperkirakan proses evolusi ternak yang terjadi pada tahun-tahun yang lampau. Program pemuliaan ternak yang konvensional mengharuskan kita mengambil waktu bertahun-tahun agar diperoleh ternak yang unggul. Dengan pemanfaatan teknologi genom, seleksi ternak dapat didasarkan pada marka genom yang telah terbukti berasosiasi dengan sifat fenotip/performa yang diinginkan, sehingga seleksi dapat dilakukan kepada ternak sejak masih kecil. Contoh pemanfaatan genom pada bidang pemuliaan ternak tersaji pada Tabel 2.

Ketiga, teknologi genom juga dimanfaatkan untuk identifikasi dan mengembangkan sifat-sifat reproduksi pada ternak. Sifat reproduksi berperan penting dalam pemuliaan dan perbibitan ternak, sebab performan reproduksi yang bagus baik pada pejantan maupun induk menjadi kunci yang menjamin bahwa program pemuliaan dan perbibitan tersebut akan dapat berjalan seiring dihasilkannya anakan hasil pemuliaan/seleksi. Beberapa sifat

reproduksi yang sering menjadi perhatian antara lain: jarak beranak, kemudahan dalam kebuntingan, kemudahan dalam beranak, sekresi hormon, dan karakteristik saluran reproduksi. Beberapa contoh aplikasi genom dalam bidang reproduksi ternak ditampilkan dalam Tabel 3.

Keempat, upaya menjaga ternak agar tetap sehat dan bebas penyakit merupakan salah satu tantangan besar dalam usaha peternakan. Oleh karenanya, beberapa peneliti telah mencoba memanfaatkan teknologi genom untuk mendapatkan informasi mengenai hubungan antara sifat daya tahan tubuh ternak terhadap suatu penyakit, pola perubahan genetik ketika terserang penyakit, juga mempelajari genom dari mikroba sumber penyakit tersebut [12]. Penggunaan informasi genom dalam bidang kesehatan ternak merupakan salah satu upaya pencegahan terhadap serangan penyakit, khususnya dalam pemilihan/seleksi ternak yang potensial, bebas dari penyakit menular, dan atau memiliki kemampuan resisten terhadap suatu penyakit. Lebih lanjut, beberapa kajian genom terkait penyakit pada ternak juga bermanfaat untuk mempelajari suatu penyakit pada manusia, karena memiliki karakter yang sama. Sebagai contoh, mutasi gen MC4R yang menyebabkan obesitas pada ternak babi juga terjadi pada manusia [39]. Beberapa

Tabel 2. Contoh aplikasi genom untuk pemuliaan dan seleksi fenotip ternak

Jenis Ternak	Kajian	Referensi
Sapi Potong/ Sapi Perah	Asosiasi genom terhadap sifat karkas sapi potong.	[25, 26]
	Asosiasi genom terhadap produksi susu sapi Friesian Holstein.	[27, 28]
Kambing/ Domba	Hubungan antara genom dan deposisi lemak pada domba ekor tipis dan domba ekor gemuk.	[29, 30]
Unggas	Analisis genom terkait sifat bobot badan dan deposisi lemak pada ayam.	[31, 32]

kajian mengenai aplikasi genom pada bidang kesehatan ternak dicontohkan pada Tabel 4.

PELUANG PENELITIAN GENOM TERNAK DI INDONESIA

Suatu studi dengan menggunakan data genom total ternak Indonesia pertama kali dipublikasikan tahun 2014. Studi tersebut menjelaskan mengenai pola keragaman genetik bangsa-bangsa sapi yang telah didomestikasi di dunia [9]. Dalam penelitian tersebut disebutkan pula posisi 5 bangsa sapi lokal di Indonesia (sapi Bali, sapi Madura, sapi Jabres, sapi Aceh, dan sapi Pesisir) diantara bangsa-bangsa sapi yang ada di dunia. Sapi Bali atau *Bos javanicus* disebut sebagai bangsa sapi asli Indonesia yang berbeda dengan *Bos taurus* dan *Bos indicus*. Selanjutnya, dengan memanfaatkan data genom sapi Indonesia tersebut, sekelompok tim peneliti dari Thailand dapat menganalisis keragaman, struktur genetik, dan hubungan antara sapi lokal mereka dan Indonesia [10].

Di Indonesia sendiri, sebuah studi yang menganalisis struktur genetik sapi Peranakan Ongole (PO) dan sapi perah Friesian Holstein dengan teknologi genom juga telah dimulai [2]. Dalam penelitian tersebut diungkapkan mengenai perbedaan kedua bangsa sapi ditinjau dari struktur genetiknya. Sebelumnya, diungkapkan bahwa penelitian tersebut dimaksudkan untuk mengetahui karakter genetik sapi dan melacak marka sapi yang memiliki sifat

melahirkan kembar, namun belum berhasil [46]. Selanjutnya, penelitian lain yang ditujukan untuk mengidentifikasi penanda genetik yang berpengaruh terhadap bobot lahir pada sapi PO dan sapi Bali dengan menggunakan data genom berhasil dilakukan. Hasilnya, diduga bahwa bobot lahir pada sapi PO berasosiasi dengan varian yang berada di kromosom 14 [5], dan bobot lahir pada sapi Bali berasosiasi dengan varian di kromosom 21 [6].

Pada tingkatan lebih lanjut, sebuah tinjauan terhadap proses sejarah dan pengembangan sapi lokal di Indonesia dengan menggunakan informasi total genom juga telah dipublikasikan [4]. Bangsa sapi lokal yang digunakan yaitu sapi Bali, Madura, Jabres, PO (secara umum), PO Kebumen, Aceh, dan Pesisir. Hasilnya diketahui bahwa terjadi pola hibridisasi antara sapi Bali (sapi asli Indonesia) dan sapi-sapi *Bos indicus* sehingga membentuk bangsa sapi-sapi lokal tersebut, juga pola introgresi sapi *Bos indicus* di Indonesia dan sapi *Bos javanicus* di Asia. Hal ini mendukung hasil kajian sebelumnya yang menyatakan bahwa terjadi hibridisasi antara sapi *Bos javanicus* dan *Bos indicus* di Indonesia [5]. Hasil analisis juga menginformasikan bahwa berdasarkan nilai optimal fragmen dalam perhitungan estimasi ukuran populasi efektif pada waktu lampau diketahui bahwa domestikasi sapi Bali diperkirakan telah terjadi sekitar 3.400 tahun yang lalu [4]. Estimasi tersebut sesuai dengan hipotesis yang menyebutkan bahwa

Tabel 3. Contoh aplikasi genom dalam bidang reproduksi ternak

Jenis Ternak	Kajian	Referensi
Sapi Potong/ Sapi Perah	Variasi genetik yang berpengaruh terhadap sekresi hormon dan keberhasilan kebuntingan pada sapi.	[33, 34]
Kambing/ Domba Unggas	Asosiasi genom dengan sifat prolifrik pada domba. Karakterisasi genom terhadap sifat kematangan seks pada ayam, juga pengaruhnya terhadap produksi telur.	[35, 36] [37, 38]

Tabel 4. Contoh aplikasi genom dalam bidang kesehatan ternak

Jenis Ternak	Kajian	Referensi
Sapi Potong/ Sapi Perah	Asosiasi genom dengan kemampuan resisten sapi terhadap penyakit mulut dan kuku.	[40, 41]
Kambing/ Domba	Asosiasi genom dengan kemampuan resisten domba terhadap parasit.	[42, 43]
Unggas	Analisis asosiasi genom mengenai respon antibodi pada ayam terhadap virus penyebab penyakit.	[44, 45]

domestikasi sapi Bali terjadi setelah *Bos taurus* dan *Bos indicus* [47].

Masih banyak peluang pemanfaatan teknologi genom untuk pengembangan ternak di Indonesia. Keanekaragaman ternak yang tinggi memberikan ruang yang luas bagi para peneliti untuk mengambil peran dalam pemanfaatan teknologi genom untuk mengoptimalkan potensi yang dimiliki oleh ternak lokal Indonesia. Point utama yang harus digali adalah bagaimana hubungan antara genom dan karakter-karakter fenotipik ternak yang bernilai ekonomi tinggi. Sebagai contoh, karakter proporsi karkas yang bagus pada sapi Bali [48], performa sapi PO unggul hasil seleksi (PO Kebumen, PO Grati Terseleksi/POGASI), kualitas daging domba Wonosobo dan Batur, karakter produksi telur dan daging ayam kampung unggul hasil seleksi (Kampung Unggul Balitbangtan/KUB, Sentul Terseleksi/SENSI), dan lain sebagainya. Hasil dari analisis genom pada karakter tersebut akan mampu meningkatkan efisiensi dalam program-program pengembangan ternak apabila diaplikasikan.

POTENSI APLIKASI TEKNOLOGI GENOM UNTUK PERBAIKAN TERNAK DI INDONESIA

Perbaikan ternak secara prinsip dapat dicapai dengan cara melaksanakan seleksi dan perkawinan ternak dengan cara yang benar [49]. Seleksi ternak merupakan strategi yang telah banyak diaplikasikan oleh para peternak di Indonesia guna mempertahankan ternak yang memiliki performan terbaik untuk tujuan dikembangbiakkan, sehingga pada keturunan berikutnya akan didapatkan kualitas anakan/bibit yang lebih baik. Hanya saja, karakteristik peternakan di Indonesia yang didominasi oleh peternakan rakyat menjadikan kegiatan seleksi ternak menemui kendala, seringkali pelaksanaannya berdasarkan pengetahuan, pemahaman, dan preferensi yang berbeda walaupun tujuannya sama yaitu untuk mendapatkan ternak dengan produktivitas yang tinggi. Kendala lain yakni seringkali data pencatatan ternak (*recording*) dan silsilah sebagai dasar seleksi tidak tersedia dengan lengkap [50], padahal seleksi akan memberikan hasil yang baik

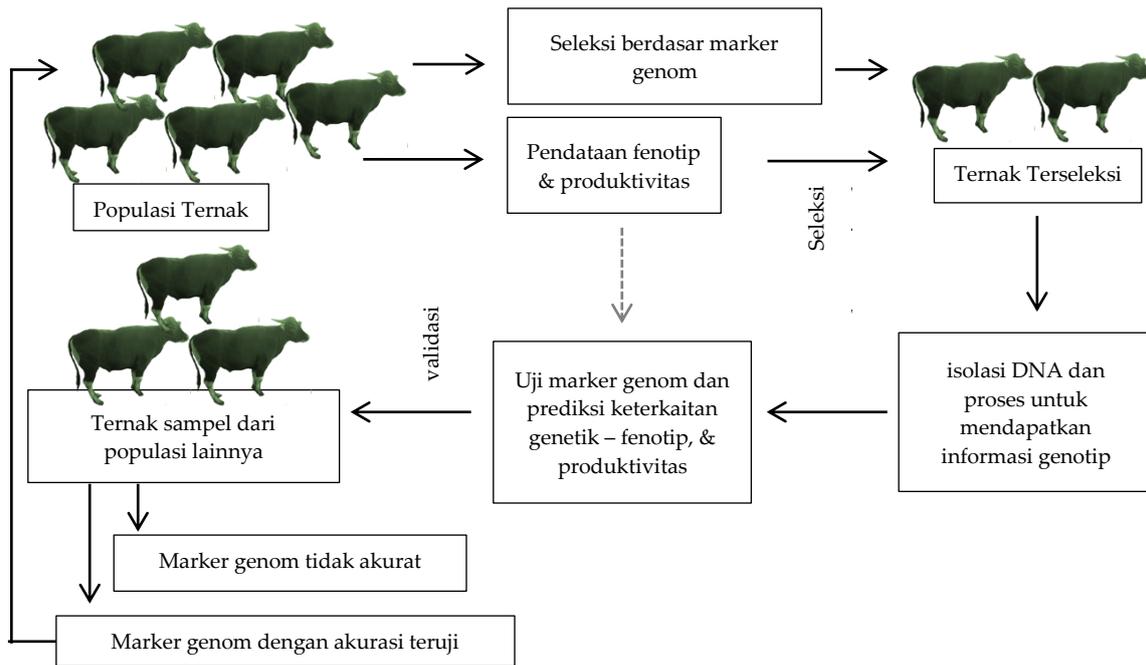
apabila dilaksanakan berdasarkan pada *recording* [51]. Seleksi yang belum terarah menjadi penyebab dihasilkannya kualitas bibit yang sangat beragam dan belum optimal [52].

Sasaran utama aplikasi teknologi genom dalam upaya perbaikan ternak yakni penggunaan penanda genetik yang secara signifikan berasosiasi dengan sifat-sifat ternak bernilai ekonomi tinggi guna meningkatkan ketepatan dan efisiensi seleksi ternak tersebut. Hal tersebut dapat dilakukan sebab sifat-sifat tertentu pada ternak muncul selain dikarenakan proses adaptasi lingkungan juga sangat berkaitan erat dengan pewarisan sifat / gen [53].

Ke depan, tantangan yang dihadapi dalam upaya pengembangan dan perbaikan ternak adalah kebutuhan akan pentingnya efisiensi sistem peternakan, pengurangan emisi asal ternak, dan perlunya pola adaptasi menghadapi perubahan iklim [54]. Sedangkan untuk ternak asli dan lokal di Indonesia, beberapa upaya perbaikan yang perlu dilakukan saat ini antara lain peningkatan reproduktivitas ternak, produktivitas, dan efisiensi pakan. Selain itu, Indonesia memiliki sumber daya genetik ternak yang besar dan memerlukan perhatian, terutama dalam hal menjaga keberlangsungan populasi, baik secara kuantitas maupun kualitasnya [55]. Poin-poin tersebut dapat ditangkap sebagai titik ungkit dimana teknologi genom berpotensi untuk dapat diaplikasikan.

Teridentifikasinya varian yang diduga berasosiasi dengan sifat bobot lahir pada sapi PO [5] dan Bali [6] menjadi contoh langkah awal aplikasi teknologi genom untuk perbaikan ternak di Indonesia. Apabila temuan penanda genetik tersebut dapat divalidasi, maka selanjutnya dapat dikembangkan menjadi kit yang memungkinkan seleksi ternak dilaksanakan sejak dini. Konsep pemanfaatan teknologi genom dalam program seleksi ternak diilustrasikan dalam Gambar 1.

Pada Gambar 1 dijelaskan bahwa aplikasi teknologi genom dalam program pemuliabiakan ternak dapat diselaraskan dengan sistem seleksi konvensional yang telah dipraktikkan di Indonesia. Penggunaan teknologi genom dimaksudkan untuk



Gambar 1. Ilustrasi pemanfaatan teknologi genom dalam program seleksi ternak [50]

meningkatkan efisiensi dan akurasi proses seleksi ternak [56]. Siklus seleksi ternak konvensional yang telah dijalankan kemudian diikuti dengan pelaksanaan isolasi DNA dan sekuensing untuk mendapatkan data genotip. Agar lebih efisien, sebaiknya hanya pada ternak unggul hasil seleksi yang material DNA-nya diambil dan diidentifikasi genotipnya. Perlu dipastikan juga bahwa ternak tersebut memiliki catatan fenotip lengkap, khususnya mengenai sifat yang digunakan sebagai dasar seleksi. Selanjutnya dilakukan analisis GWAS dengan mengasosiasikan antara data genotip dan fenotipnya, sehingga akan didapatkan marka yang diduga memiliki pengaruh nyata. Akurasi marka tersebut kemudian diuji melalui validasi pada populasi yang berbeda. Apabila marka teridentifikasi memiliki asosiasi yang sama terhadap sifat fenotip yang dituju, maka dapat disusun menjadi suatu kit yang digunakan dalam proses seleksi pada generasi berikutnya.

BATASAN PENERAPAN TEKNOLOGI GENOM

Terdapat batasan yang perlu menjadi perhatian dalam penerapan teknologi genom, yaitu yang pertama bahwa faktor

genetik bukanlah satu-satunya faktor yang berpengaruh dalam menentukan performan ternak. Selain faktor genetik, performan ternak juga ditentukan oleh faktor lingkungan (pakan, manajemen, suhu, dan sebagainya) yang optimal untuk mendukung potensi genetik yang dimiliki oleh ternak sehingga dapat berproduksi secara baik dan menguntungkan. Sebagai contoh, sistem pemeliharaan yang berbeda yakni sistem intensif dan semi intensif dapat memberikan dampak yang tidak sama terhadap pertumbuhan dan ukuran tubuh sapi Bali yang dipelihara di Balai Pembibitan Ternak Unggul di Pulau Bali [57]. Sistem pemeliharaan yang intensif memungkinkan ternak mendapatkan nutrisi pakan yang lebih baik dan lengkap sehingga produktivitasnya lebih optimal.

Agar informasi genom dapat diambil manfaatnya secara lebih luas, pencatatan data fenotip ternak juga perlu dilaksanakan secara rutin. Sebagai contoh, data pertumbuhan ternak dan data produksi susu pada sapi perah. Permasalahan di negara berkembang seperti Indonesia, mayoritas perusahaan ternak masih skala kecil-menengah, sehingga catatan mengenai performan ternak bukan menjadi perhatian penting. Pencatatan performan ternak harus

dilaksanakan sebelum menerapkan teknologi genom.

Karena biaya yang dibutuhkan untuk mendapatkan informasi genom cukup mahal, hal ini akan menjadi batasan dalam penerapan teknologi genom. Selain itu, untuk analisis data genom diperlukan informasi genom dari banyak ternak agar hasil analisis memiliki tingkat signifikansi yang tinggi dan tidak bias [58]. Berdasarkan hasil penelitian pada populasi sapi Friesian Holstein, jumlah minimal sampel ternak sapi yang dibutuhkan untuk analisis struktur genom diperlukan minimal 75 ekor agar bisa mendapatkan hasil analisis dengan akurasi yang tinggi [59]. Untuk mencapai akurasi yang tinggi pada analisis GWAS dan program seleksi, ternak yang digunakan sebagai referensi dan dianalisis paling tidak sebanyak 1% dari total populasi [60].

Namun demikian, penerapan teknologi genom di negara-negara berkembang sangat dibutuhkan dan diyakini akan berhasil mendukung program pengembangan ternak [61]. Sebab, teknologi genom ternak akan menyumbang data dasar lengkap mencakup keseluruhan genotip pada seekor ternak, yang pada generasi teknologi molekuler sebelumnya (seperti *Restriction Fragment Length Polymorphism/RFLP* dan mikrosatelit) data tersebut terungkap secara parsial [14]. Dengan disertai data performa ternak yang lengkap, biaya yang dikeluarkan untuk penerapan teknologi ini sebanding dengan manfaat yang akan didapat, terlebih semakin kesini biaya yang diperlukan untuk sekuensing semakin murah [56].

KESIMPULAN

Eksplorasi potensi genetik guna meningkatkan efisiensi pengembangan ternak menggunakan teknologi genom telah banyak dilakukan di berbagai negara di dunia. Peluang pemanfaatan teknologi genom di Indonesia masih sangat luas dengan adanya sumber daya genetik ternak lokal yang besar. Peneliti dan stakeholder dapat berkontribusi dan berkolaborasi dalam memajukan potensi ternak dengan memanfaatkan informasi genom tersebut.

KONFLIK KEPENTINGAN

Penulis menyatakan tidak ada konflik kepentingan dengan pihak manapun terkait gagasan dan materi yang ditulis dalam naskah ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada para reviewer dan editor yang telah memberikan tinjauan kritis dalam artikel ini. Penulis juga berterimakasih atas dukungan Program Insentif Riset Sistem Inovasi Nasional (INSINAS) Kementerian Riset Teknologi dan Pendidikan Tinggi Nomor: 4/E/KPT/2019 sehingga kajian dalam penyusunan artikel dapat dilaksanakan.

REFERENSI

1. Hocquette, J. F., S. Lehnert, W. Barendse, I. Cassar-Malek, and B. Picard. 2007. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. *Animal*. 1:159–173.
2. Lestari, P., H. Rijzaani, D. Satyawan, A. Anggraeni, D. W. Utami, I. Rosdianti, M. Lutfi, and I. M. Tasma. 2015. Identification of Single Nucleotide Polymorphisms on Cattle Breeds in Indonesia Using Bovine 50K. *Indo. J. Agri. Sci.* 16(2):59-70.
3. Sudrajad, P., S. D. Volkandari, D. Prasetyo, M. Cahyadi, J. Pujianto, dan Subiharta. 2019. Estimasi ukuran populasi efektif sapi Bali berdasarkan data genom. *Pros. Sem. Nas. Tek. Pet. Vet. IAARD Press, Jakarta*. p. 55-59.
4. Sudrajad, P., S. Subiharta, Y. Adinata, A. Lathifah, J. H. Lee, J. A. Lenstra, and S. H. Lee. 2020. An insight into the evolutionary history of Indonesian cattle assessed by whole genome data analysis. *PLoS One*. 15(11):e0241038.
5. Hartati, H., Y. T. Utsunomiya, T. S. Sonstegard, J. F. Garcia, J. Jakaria, and M. Muladno. 2015. Evidence of *Bos javanicus* x *Bos indicus* hybridization and major QTLs for birth weight in Indonesian Peranakan Ongole cattle. *BMC Genet.* 16:75.
6. Sudrajad, P., A. Prasetyo, dan Subiharta. 2018. Identifikasi Potensi Genetik Sapi Bali

- Bernilai Ekonomi Tinggi Melalui Analisis Asosiasi Berbasis Total Genom. Laporan Akhir Kegiatan INSINAS (Tahun Ke-1). Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Jawa Tengah, Semarang.
7. Macrogen. Illumina whole genome SNP. [cited 2018 Feb 15]. Available from: <http://foreign.macrogen.co.kr/eng/>
 8. Raadsma, H. W., K. J. Fullard, N. M. Kingsford, E. T. Margawati, E. Estuningsih, S. Widjayanti, Subandriyo, N. Clairoux, T. W. Spithill, and D. Piedrafita. 2008. Ovine Disease Resistance: Integrating Comparative and Functional Genomics Approaches in a Genome Information-Poor Species. Dalam: J. P. Gustafson et al., editor, *Genomics of Disease*. Springer, USA. p. 89-113.
 9. Decker, J. E., S. D. McKay, M. M. Rolf, J. Kim, A. Molina Alcala, et al. 2014. Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle. *PLoS Genet.* 10(3):e1004254.
 10. Wangkumhang, P., A. Wilantho, P. J. Shaw, L. Flori, K. Moazami-Goudarzi, et al. 2015. Genetic analysis of Thai cattle reveals a Southeast Asian indicine ancestry. *PeerJ.* 3:e1318.
 11. Heard, E., S. Tishkoff, J. A. Todd, M. Vidal, G. P. Wagner, J. Wang, D. Weigel, and R. Young. 2010. Ten years of genetics and genomics: what have we achieved and where are we heading? *Nat. Rev. Genet.* 11(10):723-733.
 12. Djikeng, A., S. Ommeh, S. Sangura, I. Njaci, and M. Ngara. 2012. Genomics and Potential Downstream Applications in the Developing World. Dalam: K.E. Nelson dan B. Jones-Nelson, editor, *Genomics Applications for the Developing World - Advances in Microbial Ecology*. Springer, USA. p. 335-356.
 13. Nicolazzi, E. L., S. Biffani, F. Biscarini, P. Orozco ter Wengel, A. Caprera, N. Nazzicari, and A. Stella. 2015. Software solutions for the livestock genomics SNP array revolution. *Anim. Genet.* 46:343-353.
 14. Vignal, A., D. Milan, M. SanCristobal, and A. Eggen. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Gen. Sel. Evol.* 34:275-305.
 15. Anggraeni, A. S. *Nutrigenomik, Jembatan Antara Ilmu Nutrisi dan Genetik*. 2016 [cited 2018 Feb 20]. Available from: <http://www.majalahinfovvet.com/2016/04/nutrigenomik-jembatan-antara-ilmu.html>
 16. Benitez, R., Y. Nunez, and C. Ovilo. 2017. Nutrigenomics in farm animals. *J. Investig. Genom.* 4(1):00059.
 17. Mujibi, F. D. N., J. D. Nkrumah, O. N. Durunna, P. Stothard, J. Mah, Z. Wang, J. Basarab, G. Plastow, D. H. Crews Jr, S. S. Moore. 2011. Accuracy of genomic breeding values for residual feed intake in crossbred beef cattle. *J. Anim. Sci.* 89:3353-3361.
 18. Higgins, M. G., C. Fitzsimons, M. C. McClure, C. McKenna, S. Conroy, D. A. Kenny, M. McGee, S. M. Waters, and D. W. Morris. 2018. GWAS and eQTL analysis identifies a SNP associated with both residual feed intake and GFRA2 expression in beef cattle. *Sci. Rep.* 8:14301.
 19. de Haas, Y., J. J. Windig, M. P. L. Calus, J. Dijkstra, M. de Haan, A. Bannink, R. F. Veerkamp. 2011. Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *J. Dairy Sci.* 94:6122-6134.
 20. Brito, L. F., H. R. Oliveira, K. Houlahan, P. A. S. Fonseca, S. Lam, A. M. Butty, D. J. Seymour, G. Vargas, T. C. S. Chud, F. F. Silva, C. F. Baes, A. Cánovas, F. Miglior, and F. S. Schenkel. 2020. Genetic mechanisms underlying feed utilization and implementation of genomic selection for improved feed efficiency in dairy cattle. *Can. J. Anim. Sci.* 100:587-604.
 21. Elgendy, R., M. Giantin, F. Castellani, L. Grotta, F. Palazzo, M. Dacasto, and G. Martino. 2016. Transcriptomic signature of high dietary organic selenium supplementation in sheep: A nutrigenomic insight using a custom microarray platform and gene set enrichment analysis. *J. Anim. Sci.* 94:3169-3184.
 22. Iannaccone, M., R. Elgendy, A. Ianni, C. Martino, F. Palazzo, M. Giantin, L. Grotta, M. Dacasto, and G. Martino. 2020. Whole-

- transcriptome profiling of sheep fed with a highiodine-supplemented diet. *Animal*. 14(4):745-752.
23. Kim, J. H., W. S. Jeong, I. H. Kim, H. J. Kim, S. H. Kim, G. H. Kang, H. G. Lee, H. G. Yoon, H. J. Ham, and Y. J. Kim. 2009. Effect of an oil byproduct from conjugated linoleic acid (CLA) purification on CLA accumulation and lipogenic gene expression in broilers. *J. Agric. Food Chem.* 57(6):2397-2404.
 24. Romé, H., A. Varenne, F. Héroult, H. Chapuis, C. Alleno, P. Dehais, A. Vignal, T. Burlot, and P. Le Roy. 2015. GWAS analyses reveal QTL in egg layers that differ in response to diet differences. *Gen. Sel. Evol.* 47:83.
 25. Sudrajad, P., A. Sharma, C. G. Dang, J. J. Kim, K. S. Kim, J. H. Lee, S. Kim, and S. H. Lee. 2016. Validation of Single Nucleotide Polymorphisms Associated with Carcass Traits in a Commercial Hanwoo Population. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* 29(11):1541-1546.
 26. Sudrajad, P., M. Cahyadi, dan S. D. Volkandari. 2019. Identifikasi Potensi Genetik Sapi Bali Bernilai Ekonomi Tinggi Melalui Analisis Asosiasi Berbasis Total Genom. Laporan Akhir Kegiatan INSINAS (Tahun Ke-2). Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Jawa Tengah, Semarang.
 27. Meredith, B. K., F. J. Kearney, E. K. Finlay, D. G. Bradley, A. G. Fahey, D. P. Berry, D. J. Lynn. 2012. Genome-wide associations for milk production and somatic cell score in Holstein-Friesian cattle in Ireland. *BMC Genet.* 13:21.
 28. Yang, S-H., X-J. Bi, Y. Xie, C. Li, S-L. Zhang, Q. Zhang, and D-X. Sun. 2015. Validation of PDE9A gene identified in GWAS showing strong association with milk production traits in Chinese Holstein. *Int. J. Mol. Sci.* 16:26530-26542.
 29. Moradi, M. H., A. Nejati-Javaremi, M. Moradi-Shahrbabak, K. G. Dodds, and J. C. McEwan. 2012. Genomic scan of selective sweeps in thin and fat tail sheep breeds for identifying of candidate regions associated with fat deposition. *BMC Genet.* 13:10.
 30. Zhao, F., T. Deng, L. Shi, W. Wang, Q. Zhang, L. Du, and L. Wang. 2020. Genomic scan for selection signature reveals fat deposition in Chinese indigenous sheep with extreme tail types. *Animals*. 10:0. doi:10.3390/ani10050000.
 31. Gu, X., C. Feng, L. Ma, C. Song, Y. Wang, Y. Da, H. Li, K. Chen, S. Ye, C. Ge, X. Hu, and N. Li. 2011. Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PLoS One*. 6(7):e21872.
 32. Moreira, G. C. M., C. Boschiero, A. S. M. Cesar, J. M. Reecy, T. F. Godoy, F. Pértille, M. C. Ledur, A. S. A. M. T. Moura, D. J. Garrick, and L. L. Coutinho. 2018. Integration of genome wide association studies and whole genome sequencing provides novel insights into fat deposition in chicken. *Sci. Rep.* 8:16222.
 33. Sugimoto, M., S. Sasaki, Y. Gotoh, Y. Nakamura, Y. Aoyagi, T. Kawahara, and Y. Sugimoto. 2013. Genetic variants related to gap junctions and hormone secretion influence conception rates in cows. *Proc. Nat. Ac. Sci. USA.* 110(48):19495-19500.
 34. Speidel, S.E., B. A. Buckley, R. J. Boldt, R. M. Enns, J. Lee, M. L. Spangler, and M. G. Thomas. 2018. Genome-wide association study of stayability and heifer pregnancy in Red Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 96(3):846-853.
 35. Demars, J., S. Fabre, J. Sarry, R. Rossetti, H. Gilbert, L. Persani, et al. 2013. Genome-Wide Association Studies Identify Two Novel BMP15 Mutations Responsible for an Atypical Hyperprolificacy Phenotype in Sheep. *PLoS Genet.* 9(4):e1003482.
 36. Benavides, M. V., C. J. H. Souza, and J. C. F. Moraes. 2018. How efficiently Genome-Wide Association Studies (GWAS) identify prolificacy-determining genes in sheep. *Genet.Mol.Res.* 17(2):gmr16039909.
 37. Liu, W., D. Li, J. Liu, S. Chen, L. Qu, J. Zheng, G. Xu, and N. Yang. 2011. A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PLoS One*. 6(12):e28600.
 38. Wolc, A., J. Arango, T. Jankowski, I. Dunn, P. Settar, J. E. Fulton, N. P. O'Sullivan, R. Preisinger, R. L. Fernando, D. J. Garrick, and J. C. M. Dekkers. 2014. Genome-wide association study for egg production and quality in layer chickens. *J. Anim. Breed.*

- Genet. 131(3):173-182.
39. Kim, K. S., N. Larsen, T. Short, G. Plastow, and M. F. Rothschild. 2000. A missense variant of the melanocortin 4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth and feed intake traits. *Mamm. Genom.* 11:131-135.
 40. Lee, B-Y., K-N. Lee, T. Lee, J-H. Park, S-M. Kim, H-S. Lee, D-S. Chung, H-S. Shim, H-K. Lee, and H. Kim. 2015. Bovine genome-wide association study for genetic elements to resist the infection of foot-and-mouth disease in the field. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* 28(2):166-170.
 41. Freebern, E., D. J. A. Santos, L. Fang, J. Jiang, K. L. P. Gaddis, G. E. Liu, P. M. VanRaden, C. Maltecca, J. B. Cole, and L. Ma. 2020. GWAS and fine-mapping of livability and six disease traits in Holstein cattle. *BMC Genom.* 21:41.
 42. Benavides, M. V., T. S. Sonstegard, and C. Van Tassell. 2016. Genomic regions associated with sheep resistance to gastrointestinal nematodes. *Trends in Parasit.* 32(6):470-480.
 43. Atlija, M., J-J. Arranz, M. Martinez-Valladares, and B. Gutiérrez-Gil. 2016. Detection and replication of QTL underlying resistance to gastrointestinal nematodes in adult sheep using the ovine 50K SNP array. *Gen. Sel. Evol.* 48:4.
 44. Luo, C., H. Qu, J. Ma, J. Wang, C. Li, C. Yang, X. Hu, N. Li, and D. Shu. 2013. Genome-wide association study of antibody response to Newcastle disease virus in chicken. *BMC Genet.* 14:42.
 45. Saelao, P., Y. Wang, G. Chanthavixay, R. A. Gallardo, A. Wolc, J. C. M. Dekkers, S. J. Lamont, T. Kelly, and H. Zhou. 2019. Genetics and genomic regions affecting response to Newcastle disease virus infection under heat stress in layer chickens. *Genes.* 10:61.
 46. Lestari, P., dan I. M. Tasma. 2012. Analisis genotipe sapi berdasarkan total genom. *Warta Penelitian dan Pengembangan Pertanian.* 34(4):17-18.
 47. Feliuss, M., M. L. Beerling, D. S. Buchanan, B. Theunissen, P. A. Koolmees, and J. A. Lenstra. 2014. On the history of cattle genetic resources. *Diversity.* 6(4):705-750.
 48. Wiyatna, M. F. 2007. Perbandingan indeks perdagingan sapi-sapi Indonesia (sapi Bali, Madura, PO) dengan sapi Australian Commercial Cross (ACC). *J. Ilmu Ternak.* 7(1):22-25.
 49. Romjali, E. 2018. Program pembibitan sapi potong lokal Indonesia. *Wartazoa.* 28(4):190-210.
 50. Sudrajad, P., S. D. Volkandari, dan Subiharta. 2016. Strategi peningkatan mutu genetik ternak sapi melalui marker assisted selection. Dalam: Hermawan et al., editor, *Teori, Strategi, dan Implementasi Pendampingan Program Peningkatan Produksi Pangan.* IAARD Press, Jakarta. p. 367-381.
 51. Soewandi, B. D. P. 2017. Penerapan Bioteknologi Reproduksi dan Genetika Molekuler untuk Meningkatkan Produktivitas Babi Lokal. *Wartazoa.* 27(4):177-186.
 52. Rikhanah. 2008. Sistem pemuliaan inti terbuka upaya peningkatan mutu genetik sapi potong. *Mediagro.* 4(1):37-43.
 53. Dekkers, J. C. M., and F. Hospital. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Rev. Genet.* 3:22-32.
 54. Hayes, B. J., H. A. Lewin, and M. E. Goddard. 2013. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends in Genet.* 29(4):206-214.
 55. Kurnianto, E. 2017. Sumber Daya Genetik Ternak Lokal. *Pros. Sem. Tek. Agri. Pet. V.* Fakultas Peternakan Universitas Jenderal Soedirman, Purwakarta.
 56. Georges, M., C. Charlier, and B. Hayes. 2019. Harnessing genomic information for livestock improvement. *Nature Rev. Gen.* 20:135-156.
 57. Volkandari, S. D., P. Sudrajad, D. Prasetyo, Subiharta, A. Prasetyo, J. Pujiyanto, dan M. Cahyadi. 2020. Dampak sistem pemeliharaan intensif dan semi intensif terhadap ukuran tubuh sapi Bali jantan di Balai Pembibitan Ternak Unggul (BPTU) Sapi Bali. *Pros. Sem. Nas. Tek. Pertanian.* Balai Besar Pengkajian dan Pengembangan Teknologi Pertanian, Bogor.

58. Sudrajad, P., D. W. Seo, T. J. Choi, B. H. Park, S. H. Roh, W. Y. Jung, S. S. Lee, J. H. Lee, S. Kim, and S. H. Lee. 2016. Genome-wide linkage disequilibrium and past effective population size in three Korean cattle breeds. *Anim. Genet.* 48:85-89.
59. Khatkar, M. S., F. W. Nicholas, A. R. Collins, K. R. Zenger, J. A. L. Cavanagh, W. Barris, R. D. Schnabel, J. F. Taylor, and H. W. Raadsma. 2008. Extent of genome-wide linkage disequilibrium in Australian Holstein-Friesian cattle based on a high-density SNP panel. *BMC Genom.* 9:187.
60. Weller, J. I. 2016. *Genomic Selection in Animals*. Wiley Blackwell, New Jersey.
61. Muchadeyi, F. C., E. M. Ibeagha-Awemu, A. N. Javaremi, G. A. Gutierrez Reynoso, J. M. Mwacharo, M. F. Rothschild, and J. Solkner. 2020. Editorial: Why Livestock Genomics for Developing Countries Offers Opportunities for Success. *Front. Genet.* 11:626.