

**PENDUGAAN JARAK GENETIK SAPI JAWA DAN PENGELOMPOKAN
BANGSA SAPI POTONG DI INDONESIA MELALUI PENDEKATAN
ANALISIS MORFOMETRIKAL MANDIBULA**

(The Estimation of Genetic Distance on Java Cattle and Classifying of Cattle Breeds in Indonesia by Morphometrical Analysis of Mandible)

S a p a r t o

Staf Pengajar Sekolah Tinggi Ilmu Pertanian Farming Semarang

ABSTRACT

Java cattle is an endogenous breed, and they have possibility comparative advantage. The research of Java cattle, especially for genetic's improvement are still rare. Indonesian native cattles have genetic relationship among them. The objectives of this research was to estimate genetic distance on Java cattle and cattle breeds in Indonesia, and also to know the accuracy of classifying of cattle breeds by morphometrical analysis of mandible. The number of specimens examined for Java, Ongole Crossbred, Madura, and Bali cattle were 19, 38, 12 and 17, respectively. They were collected from the slaughter houses in Brebes, Semarang, Bangkalan, Dendasar and Jakarta respectively. Mean-while, 14 specimen of banteng were obtained from the Bogor Zoological Muzeum. Each specimen collected was measured for 15 mandibular measurement. The SAS (1990) was applied for multivariate analysis approaches. Multivariate analysis performed using Discriminant Analysis. Results showed that (1) Jawa cattle was nearer in the genetic relationship to Madura, subsequently followed by Bali and Ongole Crossbred. Banteng was the farthest to both Madura and Ongole Crossbread: 2) breeds resulted high accuracy as indicated by the low probability of erroneous discrimination. The accuracy accounted 95,29 %. The rate misclassification was 4,17 %.

Keywords : *Java Cattle, Mandible Morphometrical, genetic Distance, Discriminant Analysis.*

PENDAHULUAN

Sapi Jawa merupakan salah satu plasma nuffah di Indonesia yang kemungkinan mempunyai sifat keunggulan komparatif. Sapi Jawa menurunkan bangsa sapi Peranakan Ongole (PO) yang ada sekarang sebagai akibat kebijakan "Ongolisasi" sapi Jawa dengan tujuan melakukan *grading up* sapi Jawa dengan Sapi Sumba Ongole oleh pemerintah sekitar tahun 1930 (Hardjosubroto, 1994). Kebijakan "Ongolisasi" tersebut sangat berhasil sehingga populasi sapi PO menjadi bertambah banyak, namun disisi lain populasi sapi Jawa menjadi menurun drastis. Data populasi sapi Jawa tidak ditemukan, bahkan dianggap sudah punah sehingga tidak tercantum dalam populasi yang diharapkan oleh Dirjen Peternakan. Di lapangan, sapi Jawa masih dapat ditemukan terutama di beberapa daerah pegunungan yang terisolir dari introduksi bangsa sapi lain. Populasi sapi Jawa diperkirakan hanya tinggal beberapa ribu ekor, dan paling banyak ditemukan di daerah Kabupaten Brebes-Jawa Tengah. Apabila tidak ada upaya untuk mengkonservasi dan melestarikan, maka bukan tidak mungkin sapi Jawa akan mengalami kepunahan.

Sapi bali dan sapi Madura sebagai bangsa sapi telah memiliki keseragaman dalam penampilan fenotipnya antara lain kulit, bentuk tubuh / kepala, garis punggung, memiliki atau tidak memiliki gumba, bentuk tanduk, warna sekitar mata. Meskipun sapi PO secara umum ditemukan adanya keseragaman

misalnya warna putih, adanya gumba, dan *preputium* yang menggantung, namun masih ditemukan variasi bentuk tubuh/bentuk kepala, besar gumba maupun panjang tanduk. Data karakter morfologi/fenotipik sapi Jawa tidak ditemukan, dalam Ensiklopedi Indonesia (1992) disebutkan ciri-cirinya antara lain : termasuk sapi kecil, pendek, berkepala kecil dan bertanduk besar, berotot kuat, ekornya bagus, warna bulu kebanyakan merah tua. Sapi Jawa jantan lebih banyak berwarna kehitaman dibanding sapi betina. Sapi-sapi asli misalnya sapi Bali dan sapi-sapi lokal yaitu sapi Madura, sapi PO dan sapi Sumatra yang terdapat di Indonesia merupakan sapi-sapi yang berasal dari keturunan Banteng (*Bos sondaicus*) dan diduga kuat masih mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dintara bangsa-bangsa sapi tersebut.

Penelitian sapi Jawa terutama tentang informasi genetik belum banyak dilakukan, dan ini penting dilakukan sebagai penelitian dasar yang dapat digunakan sebagai bahan untuk pengembangan lebih lanjut dalam upaya untuk mengkonservasi serta melestarikan sapi Jawa. Menurut Nei (1972) yang dikutip Astuti (1997) menyatakan bahwa jarak genetik adalah suatu ukuran yang dapat menggambarkan pertalian genetik antar populasi bangsa-bangsa spesies. penelitian jarak genetik melalui teknik elektroforesis untuk menentukan polimorfisme protein darah telah banyak dilakukan antara lain oleh Astuti (1997) pada kambing : Lestari *et al.*, (1998) pada ayam : Sutopo *et. al* (2001) pada sapi. Penelitian ini didasarkan pada kandungan protein dalam

darah. Plasma darah banyak mengandung protein seperti prealbumin, albumin, haptoglobin, postalbumin, transferin dan posstransferin, sedangkan pada bagian eritrosit ditemukan protein hemoglobin (Lestari *et al.*, 1998). Protein adalah makro molekul yang tersusun atas unit-unit melekul kecil yaitu asam amino dengan pola urutan berdasarkan informasi genetik suatu gen (Sofro *et al.*, 1992). Gen dengan berat molekul yang berada akan menunjukkan mobilitas yang berbeda dari katode ke anode pada proses elektroforesis dan menghasilkan gambaran peta genotipe yang berbeda (Astutim 1997). Hasil penelitian ini efektif dan akurat, namun dari segi teknis dan segi ekonomis masih banyak mengalami kendala, karena penelitian ini memerlukan peralatan yang canggih dan rumit pelaksanaannya, serta bahan dan memerlukan biaya yang relatif besar. Sebagai alternatif untuk menduga jarak genetik antar bangsa dalam spesies yang sama dapat dilakukan pendekatan analisis berdasarkan karakter morfologinya, antara lain menggunakan ukuran-ukuran yang ada pada mandibula atau morfometrikal mandibula. Kerangka pemikiran ini didasarkan pada pernyataan Goto *et al.*, (1991) bahwa karakter tulang termasuk bentuk mandibula mempunyai heritabilitas yang tinggi dari sifat-sifat kuantitatif yang diturunkan dari tetuanya. Oleh karena itu dapat digunakan untuk mengidentifikasi suatu strain dalam suatu spesies yang sama dan menduga kekeratan hubungan kekerabatan diantara strain yang berbeda dengan menggunakan pendekatan

analisis terhadap ukuran-ukuran mandibula.

Festing (1973) melaporkan tentang identifikasi strain tikus dengan menggunakan analisis diskriminan dari ukuran-ukuran mandibula. Pendugaan jarak genetik dan hubungan kekerabatan antar bangsa pada tikus dengan menggunakan mandibula telah banyak dilakukan antara lain oleh Goto *et al.*, (1981), Goto *et al.*, (1982) dan *et al.*, (1987), ternak babi (Hayashi *et al.*, 1984). Disamping mandibula, banyak peneliti juga menggunakan kranium/tengkorak sapi antara lain oleh Hayashi *et al.*, (1988), Hayashi *et al.*, (1989) dan Saparto (2004), serta ayam (Hayashi *et al.*, 1982). Selain pada jenis ternak, pendugaan jarak genetik dengan analisis morfometrikal telah banyak dilakukan pada hewan lain, yaitu monyet (Maryanto *et al.*, 1997), kelelawar (Maharadatunkamsi dan Kitchener, 1997), dan ikan (Ariyanto, 2003).

Pendugaan jarak genetik antar bangsa sapi menggunakan pendekatan analisis morfometrikal ukuran-ukuran mandibula dapat dilakukan dengan hasil yang cukup efektif serta biaya relatif lebih murah. Jarak genetik ini didasarkan pada nilai statistik Mahalanobis yang merupakan jarak antar bangsa sapi yang menggambarkan pemisahan kelompok-kelompok bangsa sapi.

BAHAN DAN METODA

Penelitian ini telah dilakukan mulai bulan Juli 2003 s/d Januari 2004 di kota/kabupaten Brebes, Semarang, Denpasar, Bangkalan, Bogor dan Jakarta.

BAHAN

Jumlah sampel mandibula sebanyak 100 buah berasal dari : sapi Jawa 8 betina, 11 jantan; sapi Bali 8 betina, 9 jantan; sapi Madura 12 jantan, sapi PO 9 betina, 29 jantan dan Banteng 6 betina, 8 jantan. Mandibula yang diamati dan diukur diusahakan berasal dari sapi yang telah mencapai umur dewasa tubuh (24 bulan) dan tidak mengalami pertumbuhan lagi. Penentuan umur sapi didasarkan pada status pemunculan dan penanggalan gigi seri dan diperkirakan sudah mencapai dewasa tubuh. Hal ini untuk menghindari adanya keragaman yang disebabkan adanya pertumbuhan bila sapi yang digunakan masih muda. Pemilihan sapi sebagai sampel berdasarkan kriteria ciri khas dari masing-masing bangsa sapi yang diamati berdasarkan sifat fenotipik seperti warna kulit, bentuk tubuh/kepala, keberadaan ponok, dan lain-lain.

Peralatan yang digunakan adalah pisau potong besar untuk memotong sapi dilakukan oleh petugas jagal. Pisau kecil untuk membersihkan bagian-bagian daging, kulit dan lemak yang menutupi mandibula. Jangka sorong dengan kepekaan 0,01 cm.

METODA

Metode penelitian yang digunakan adalah teknik sampling metode pengambilan sampel secara *purposive sampling*, yaitu sampel ditentukan berdasarkan kriteria seperti yang telah disebutkan terdahulu yaitu sapi sudah mencapai umur dewasa tubuh dan keaslian bangsa berdasarkan pengamatan ciri khas sifat fenotipenya.

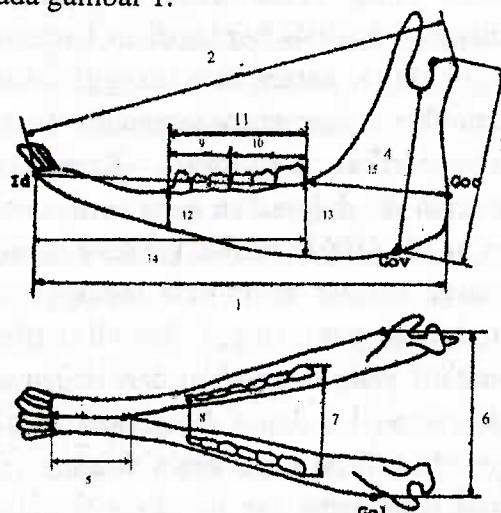
Mandibula sapi yang digunakan sebagai materi penelitian diambil dari sapi yang dipotong di RPH atau sudah dibawa ke pasar, dengan prosedur sebagai berikut :

- ❖ Kepala sapi dipisahkan setelah pemotongan di RPH
- ❖ Mandibula dipisahkan dari kraniun kemudian dibersihkan dari daging, lemak, dll.
- ❖ Dilakukan pengukuran variabel yang diamati.

Mandibula banteng yang digunakan sebagai materi penelitian menggunakan preparat awetan yang ada di Muzeum Zoologicum Bogorensis di Bogor.

VARIABEL

Variabel yang diamati dan diukur meliputi ukuran-ukuran pada mandibula yang diukur berdasarkan ukuran-ukuran yang telah ditetapkan oleh Dresch (1976) dikutip oleh Hayashi *et al.* (1988), sebagimana disajikan pada gambar 1.



Gambar 1. Variabel yang diukur pada Mandibula Sapi

Analisis Data

Jarak genetik diduga dengan menggunakan *Discriminant Analysis*. Pendugaan jarak genetik dengan cara menggunakan data kuantitatif berupa ukuran-ukuran mandibula dengan PRODISCTIM, menghasilkan matriks jarak Mahalanobis atau *Generalized Square Distance*, yang menggambarkan pemisahan kelompok-kelompok dalam ruang.

Fungsi diskriminan sederhana dilakukan untuk penentuan jarak genetik, dimana matrik ragam peragam antara variabel dari masing-masing bangsa diamati dan digabung ("pooled") menjadi sebuah matrik. Matrik hasil "pooled" dapat dijelaskan ke dalam bentuk sebagai berikut :

$$C = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & \dots & \dots & \dots & C_{1p} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & \dots & \dots & \dots & C_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ C_{p1} & C_{p2} & C_{p3} & \dots & \dots & \dots & C_{pp} \end{bmatrix}$$

Keterangan :

C = Matrik ragam peragam gabungan ukuran $p \times p$.

Untuk mendapatkan jarak kuadrat genetik minimum digunakan rumus :

$$D^2 (ilj) = (\bar{x}_i - \bar{x}_j)^T \text{COV}^{-1} (\bar{x}_i - \bar{x}_j)$$

yang dalam hal ini :

$D^2 (ilj)$ = nilai statistik Mahalanobis sebagai ukuran jarak kuadrat genetik antar dua bangsa.

COV^{-1} = kebalikan matriks gabungan ragam peragam antar variabel.

\bar{x}_i = vektor nilai rataan pengamatan dari bangsa i pada masing-masing variabel.

\bar{x}_j = vektor nilai rataan pengamatan dari bangsa j pada masing-masing variabel.

Matriks tersebut selanjutnya diimplementasikan dalam menduga jarak genetik.

Selanjutnya jarak-jarak ini akan diganti oleh peluang awal (*prior*) untuk dimasukkan dalam proses penentuan peluang sebuah pengamatan masuk menjadi anggota kelompok bangsa tertentu. Dengan keanggotaan diambil pada kelompok yang memiliki peluang posterior paling besar.

Perhitungan nilai Mahalanobis menggunakan paket program statistik SAS versi 6 tahun 1990 tentang PROG DISCRIM.

HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Pendugaan jarak genetik sapi Jawa dengan bangsa sapi lainnya.

Nilai matrik jarak genetik antara sapi Jawa dengan masing-masing kelompok bangsa sapi lainnya disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Matrik Jarak genetik Sapi Jawa dengan Beberapa bangsa sapi.

Bangsa Sapi	Banteng	Sapi Jawa	Sapi Bali	Sapi Madura	Sapi PO
Banteng	--				
Sapi Jawa	23,92	--			
Sapi Bali	23,47	11,32			
Sapi Madura	35,38	10,74	14,87	--	
Sapi PO	28,16	11,36	18,03	13,93	--

Nilai jarak genetik terkecil didapat pada jarak dua kelompok bangsa antara sapi Jawa - sapi Madura yaitu 10,74 kemudian diikuti oleh kelompok bangsa sapi Jawa - sapi Bali dengan nilai 11,32 dan sapi Jawa - sapi PO dengan nilai 11,36. Jarak genetik yang terbesar antara Banteng dengan sapi Madura yaitu sebesar 35,38. Jarak Genetik sapi Jawa dekat dengan sapi Madura, sapi Bali dan sapi PO. Hal ini diduga bahwa kedua bangsa sapi yaitu PO dan sapi Madura merupakan hasil keturunan dari sapi Jawa. Pernyataan ini sependapat dengan Pane (1993) bahwa sapi PO merupakan hasil persilangan sapi Jawa dengan sapi Ongole yang didatangkan dari India oleh pemerintah Belanda pada tahun 1987 dan dikembangkan secara murni di P. Sunda. Hardjosubroto (1994) menyatakan sapi PO terbentuk sebagai hasil *grading up* sapi Jawa dengan sapi Sunda Ongole sekitar tahun 1930. Persilangan tersebut dimaksudkan untuk memperbaiki mutu genetik sapi Jawa. Secara

fisik sapi PO mempunyai bentuk postur tubuh termasuk mandibula lebih besar dibanding dengan sapi Jawa.

Sapi Madura mempunyai jarak genetik dekat dengan sapi Bali, berarti sapi Madura masih merupakan turunan dari sapi Bali. Hal ini sesuai dengan pendapat Hardjosubroto dan Astuti (1980) bahwa sapi Madura merupakan turunan sapi Bali. Ciri-ciri yang dimiliki bangsa sapi Madura sebagai salah satu kelompok bangsa sapi tropis pada dasarnya seperti sapi bali. Menurut Hardjosubroto (1994) sapi Madura merupakan sapi lokal Indonesia yang sudah menunjukkan bentuk seragam. Sapi Madura diduga berasal dari hasil persilangan antara banteng dengan sapi Zebu, kemungkinan besar adalah sapi Sinhala yang dibawa oleh para pedagang pada jaman dahulu.

Jarak genetik sapi Jawa dekat dengan sapi Madura tidak berbeda dengan hasil penelitian Saparto (2004) yang menggunakan

variabel kuantitatif berupa ukuran-ukuran kranium sapi, selain itu sapi Jawa mempunyai jarak genetik dekat dengan sapi PO. Hal yang sama juga dilaporkan oleh Sutopo *et.al.* (2001) yang meneliti hubungan jarak genetik diantara sapi-sapi asli Indonesia dengan metode polymorphisme protein darah dengan 25 lokus. Hasil penelitiannya menunjukkan bahwa sapi Jawa mempunyai jarak genetik lebih dekat dengan sapi Madura dan sapi PO, kemudian disusul dengan sapi bali.

2. Tingkat ketepakatan serta tingkat kesalahan dalam pengelompokan bangsa sapi.

Discrimination Analysis menghasilkan fungsi diskriminan, masing-masing kelompok bangsa sapi memiliki satu fungsi diskriminan linear. Fungsi ini menghasilkan skor ke setiap individu obyek sapi pengamatan tentang kedekatannya terhadap rataan kelompok. Fungsi diskriminan linear memberikan peluang awal (prior) kepada individu amatan untuk menjadi anggota kelompok bangsa sapi sesuai dengan variabel yang dimilikinya. Berdasarkan fungsi itulah ditentukan individu obyek sapi tersebut masuk ke dalam kelompok bangsa sapi yang mana. Dengan keanggotaan didasarkan pada peluang yang paling besar. Jumlah obyek amatan dan persen pengelompokan ke kelompok bangsa sapi disajikan pada Tebel 4.

Tabel 4. Jumlah Obyek Amatan, Persen Pengelompokan ke Dalam Bangsa Sapi

Dari Bangsa	Banteng	S. Jawa	S. Bali	S. Madura	Sapi PO	Total
Banteng	13 (92,86)	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)	1 (7,14)	14 (100,00)
Sapi Jawa	0 (0,00)	18 (94,74)	1 (5,26)	0 (0,00)	0 (0,00)	19 (100,00)
Sapi Bali	0 (0,00)	0 (0,00)	16 (94,12)	1 (5,88)	0 (0,00)	7 (100,00)
Sapi Madura	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)	12 (100,00)	0 (0,00)	12 (100,00)
Sapi PO	2 (5,26)	0 (0,00)	0 (0,00)	0 (0,00)	36 (94,74)	38 (100,00)
Total Persen	15 15,00	18 18,00	17 17,00	13 13,00	37 37,00	100 (100,00)
Prior	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20	

Tingkat Kesalahan Pengelompokan Bangsa :						
	Banteng	S. Jawa	S. Bali	S. Madura	Sapi PO	Total
Tingkat	0,0714	0,0526	0,0588	0,0000	0,0526	0,0471
Prios	0,2000	0,2000	0,2000	0,2000	0,2000	0,2000

Data Tabel 4 dapat dilihat tingkat kesalahan (*the probability of erroneous discriminant*) dalam pengelompokan bangsa sapi sebesar 4,71%, berarti tingkat ketepatan dalam pengelompokan bangsa sapi sebesar 95,29%. Dengan demikian tingkat ketepatan dalam pengelompokan bangsa sapi dengan menggunakan analisis diskriminan mempunyai nilai yang cukup tinggi atau akurasinya tinggi. Hal ini ditunjukkan dengan tingkat kesalahan dalam pengelompokan bangsa sapi yang cukup rendah.

Rekapitulasi hasil kesalahan (*misclassified observation*) dalam pengelompokan bangsa sapi beserta peluang posterior dari obyek individu amatan disajikan pada Tabel 5.

Tabel 5. Rekapitulasi Kesalahan Klasifikasi dan Peluang Posterior dalam Keanggotaan Bangsa Sapi

Amatan ke	Asal Bangsa	Dikelompokkan ke bangsa	Peluang Posterior Dalam Keanggotaan Bangsa				
			Banteng	S. Jawa	S. Bali	S. Madura	S. PO
19	Bali	Madura	0,0000	0,0026	0,3894	0,6079	0,0001
37	Banteng	PO	0,2875	0,0024	0,0001	0,0006	0,7094
41	Jawa	Bali	0,0003	0,3681	0,4364	0,0047	0,1905
88	PO	Banteng	0,9839	0,0031	0,0012	0,0000	0,0118
90	PO	Banteng	0,8296	0,0414	0,0007	0,0006	0,1279

Secara keseluruhan terdapat 5 ekor sapi diantara 100 ekor sapi yang salah dalam pengelompokan berdasarkan hasil uji diskriminan dengan menggunakan data kuantitatif ukuran mandibula. Pada amatan ke 19 yaitu Sapi Bali setelah dilakukan uji diskriminan termasuk kelompok bangsa Sapi Madura. Sampel tersebut diperoleh di Jakarta pada saat hari Raya Qurban dimana Sapi tersebut berjenis kelamin jantan tetapi

mempunyai warna coklat dan berasal dari Nusa Tenggara. Kemungkinan hal ini disebabkan Sapi Bali tersebut tidak murni lagi, mengingat warna Sapi Bali jantan berwarna hitam, sedangkan pada amatan tersebut berwarna coklat. Sapi Bali berada di P. Jawa kemungkinan tercampur dengan darah bukan Sapi Bali dalam hal ini kemungkinan Sapi Madura.

SIMPULAN

Pendugaan jarak genetik sapi Jawa dan beberapa bangsa Sapi dapat dilakukan dengan pendekatan analisis morfometrikal mandibula. Jarak genetik terdekat bangsa Sapi Jawa adalah Sapi Madura, kemudian diikuti Sapi Bali dan sapi PO dengan jarak hampir sama. Banteng mempunyai jarak genetik terjauh terhadap Sapi Madura dan Sapi PO. Pengelompokan bangsa Sapi dengan analisis diskriminan mempunyai tingkat kesalahan sebesar 4,71%, atau tingkat ketepatan sebesar 95,29%.

DAFTAR PUSTAKA

- Ariyanto D. 2003. Analisis keragaman genetik tiga strain ikan Nila dan satu strain ikan Mujair berdasarkan karakter morfologenya. *Zuriat*, Vol. 14 (1) : 44-53.
- Astuti M. 1997. Estimasi jarak genetik antar populasi kambing Kacang, kambing Peranakan Etawah dan kambing lokal berdasar polimorfisme protein darah. *Buletin Peternakan*, 21 (1) : 1-9.
- Ensiklopedi Indonesia. 1992. Edisi Khusus 5, PT. Ichtiar Baru - VanHoeve, Jakarta.
- Festing M. 1973. A multivariate analysis of subline divergence in the shape of the mandible in C57BL/Gr mice. *Gemet.Res.*, Cam., 21 : 121 - 132
- Goto N, Niura K, Imamura K, Komeda K. 1981. Genetic relationships between sublines of inbred strains of mice as assessed by mandible analysis. *Natl. Inst. Anim. Health Q. (Jpn.)* 21 : 32 - 41.
- Goto N, Miura K, Imamura K, Komeda K. 1982. Genetic relationship among 5 inbred strain established from common ancestor, dd mouse, as assessed by mandible analysis. *Natl. Inst. Anim. Health Q (Jpn.)* 22 : 70 - 75.
- Goto N, Watanabe K, Umezawa H, Yazawa H, Kuramasu S. 1987. Morphometrical observations on the mandible of five strains rabbits and strain identification using mandible. *Laboratory Animals*, 22 : 18 - 194.
- Goto N, Fukuta K, Serikawa J. 1991. Strain identification of inbred rats using mandible measurements. *J. Mamm. Soc. japan* 15 (2) : 73 - 82.
- Hardjosubroto W, Astuti M. 1980. Animal genetic resource in Indonesia. Di dalam : *Proceeding of SABTAO Workshop no Animal genetic Resorce in Asia and Oceania*. 189 - 2004. Tropical Agriculture Research Centre, Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries. Japan.
- Hardjosubroto W. 1994. Aplikasi Pemuliabiakan Ternak di Lapangan. Penerbit Gasindo, Jakarta.
- Hayashi Y, Nushida T, Tsugiyama I, Mochizuki K, Tomimoto M. 1982. Measurements of the skull of jungle and domestic fowls. *Jpn. J. Vet. Sci.* 44 (6) : 1003 - 1006.
- Hayashi Y, Nishida T, Hashiguchi T, Mochizuki K. 1984. Morphometrical studies of the and five the Indonesian native pigs and seven types of Asian wild boars. *Jpn. J. Vet. Sci.* 46 (1) : 9 - 104.

- Hayashi Y, Nishida T, Shotake T, Kawamoto Y. 1989. Multivariate craniometrics of yak in nepal. Jpn. J. Vet. Sci. 51 : 1037 - 1039.
- Lestari, Astuti M, Sulistyowati DT. 1998. Pengkajian polimorfisme protein daraj pada ayam kampung dan ayam ras. Buletin Peternakan, 22 (3) : 110 - 120.
- Maharadatunkamsi, Kitchener DJ. 1997. Morphological variation in *Eonycteris spelaea* (Chiroptera : *Pteropodidae*) from the Greater and Lesser Sundas Islands, Indonesia and Description of a new Species. Treubia 31 : 133 - 168.
- Pane I. 1993. Pemuliaan Ternak Sapi. Cetakan ke-2, PT Gramedia Pustaka Utama, Jakarta.
- SAS/STAT. 1990. SAS User's Gide. Version 6, 4th edd., SAS Inst. Inc. Cary, NC.
- Sofro ASM, Lestriana W, Haryadi. 1992. Protein, Vitamin dan Bahan Ikutan Pangan. PAU Bioteknologi, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.
- Saparto, 2004. Studi Kraniometri Sapi Jawa dan Beberapa Bangsa Sapi Potong di Indonesia. Tesis. PPS-Fapet UNDIP.
- Sutopo, Nomura K, Sugimoto Y, Amano T. 2001. Genetic relationship among Indonesian native cattle. J. Anim. Genet., 28 (2) : 3 - 11.