

Perubahan Frekuensi Alel Gen *Growth Hormone* pada Populasi Kambing Keturunan Boer dan Hubungannya dengan Ukuran Tubuh

Sigit Prastowo^{1,a}, Novita Herowati¹, Nuzul Widyas¹, Galih Pambuko¹, Rebecca Vanessa²

¹Program Studi Peternakan, Fakultas Pertanian, Universitas Sebelas Maret, Surakarta

²Program Studi Magister Biosain, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret, Surakarta

²email: prastowo@staff.uns.ac.id

Abstrak

Crossbreeding antara ternak lokal dengan eksotik merupakan salah satu strategi peningkatan produktivitas ternak. Metode ini akan mengubah frekuensi alel-alel gen yang bertanggung jawab pada sifat seperti pertumbuhan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui perubahan frekuensi alel gen *Growth Hormone* (GH) dan hubungannya dengan ukuran tubuh populasi kambing keturunan Boer. Sebanyak 44 ekor kambing terdiri dari kambing Boer, dan keturunannya dengan Jawa Randu bernama Boerja F1, F2 dan F3 digunakan sebagai sumber DNA. Tipe alel ditentukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction-Restriction fragment length polymorphism* (PCR-RFLP) menggunakan enzim *HaeIII*. Ukuran tubuh diukur pada lingkar dada (LD), panjang badan (PB), dan tinggi gumba (TG). Dua tipe alel gen GH yaitu A dan B, dengan variasi genotipe AA dan AB teramati pada penelitian ini. Frekuensi alel A pada populasi kambing Boerja F1, F2, dan F3 adalah 0,50; 0,57; dan 0,59, sedangkan alel B adalah 0,50; 0,43; and 0,41, berturut-turut. Nilai heterozigositas populasi Boerja F1 ke F3 teramati mengalami penurunan, dan ukuran tubuh LD antar populasi menunjukkan perbedaan nyata ($p < 0,05$). Berdasarkan penelitian ini, disimpulkan bahwa perubahan frekuensi alel gen GH berhubungan dengan ukuran tubuh keturunan kambing Boer.

Kata kunci: perubahan frekuensi alel, gen GH, ukuran tubuh, keturunan kambing Boer

Allele Frequency Changes of Growth Hormone Gene in Boer Goat Crossbreed Population and Its Association to Body Measurements

Abstract

Crossbreeding between local and exotic breeds is known as one strategy to improve animal productivity. Crossing would change allele frequency of gene(s) in a population that is responsible to phenotype such as growth. This study aims to identify allele frequency changes of Growth Hormone (GH) gene and its association to body measurements in a Boer goat crossbreed population. A total of 44 DNA samples were collected from Boer and its crosses (Boer x Jawa Randu) namely Boerja F1, F2, and F3. To determine GH alleles type, polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR - RFLP) using HaeIII enzyme was employed. The body measurements were taken in the form of heart girth (HG), body length (BL) and withers height (WH). This study discovered two alleles, A and B, as well as two genotypes, AA and AB. The frequencies of A allele in Boerja F1, F2 and F3 were 0.50, 0.57, and 0.59 respectively, while the frequencies of B allele were 0.50, 0.43, and 0.41, respectively. The heterozygosity value was observed to be lower in the respective breeds, and the size of HG differs ($p < 0.05$) between breeds. According to the study, the change in GH gene allele frequency is associated to the body size of resulting Boer crossbreed.

Keywords: allele frequency change, GH gene, body measurement, Boer goat crossbreed

Pendahuluan

Program peningkatan produktivitas kambing lokal di Indonesia saat ini salah satunya ditempuh dengan metode *crossbreeding* atau persilangan. Metode ini diarahkan untuk mendapatkan keturunan yang mewarisi sifat unggul dari kedua tetuanya. Secara teori, persilangan memiliki beberapa keunggulan yaitu meningkatkan proporsi gen heterozigot, menurunkan proporsi gen homozigot, serta memanfaatkan “*breed complementary*” melalui kombinasi gen-gen unggul dari kedua bangsa ternak yang disilangkan. Persilangan juga dilakukan untuk mendapatkan efek heterosis yaitu performa ternak yang lebih unggul dibandingkan dengan rerata performa kedua tetuanya (Khanal *et al.*, 2019; Widyas *et al.*, 2019). Hal-hal tersebut dapat dijelaskan sebagai akibat berubahnya frekuensi alel gen-gen tertentu, sehingga mengubah tampilan produktivitas ternak. Pada prinsipnya, mekanisme efek heterosis diduga terkait dengan pengaruh *dominance*, *over dominance*, dan epistasis serta interaksi antar alel yang kompleks (Kaepler, 2012; Melchinger *et al.*, 2007).

Salah satu program persilangan ternak kambing yang sedang populer di Indonesia adalah persilangan antara kambing Boer jantan dengan kambing Jawarandu betina yang menghasilkan kambing Boerja (Nugroho *et al.*, 2018). Kambing Boer merupakan bangsa kambing eksotik yang berasal dari Afrika Selatan (Casey and Van Niekerk, 1988), dan hidup pada lingkungan sub tropis kering (Solaiman, 2010). Kambing ini merupakan tipe pedaging dengan karakteristik pertumbuhan yang cepat dengan penambahan bobot badan harian yang tinggi (Casey and Van Niekerk, 1988; Solaiman, 2010). Berdasarkan keunggulan-keunggulan tersebut, kambing Boer sering dipilih untuk membentuk bangsa kambing baru tipe pedaging dengan cara menyilangkannya dengan kambing lokal (Malan, 2000; Shrestha and Fahmy, 2007). Disisi lain, kambing Jawarandu merupakan kambing lokal Indonesia, yang dikenal dengan nama kambing Bligon. Kambing ini merupakan keturunan kambing Peranakan Ettawa dan kambing Kacang (Parjono *et al.*, 2014) yang memiliki sifat prolifik (Wodzicka-Tomaszewska *et al.*, 1993).

Gen *Growth Hormone* (GH) adalah gen utama yang mengontrol pertumbuhan ternak. Gen ini bertanggung jawab pada sintesis

hormon *somatotropin* dan disekresikan oleh kelenjar *hipofisa anterior* (Ayuk and Sheppard, 2006; Etherton and Bauman, 1998). Hormon ini berfungsi untuk mengatur pertumbuhan, perkembangan, dan beragam aktivitas metabolisme seperti pertumbuhan jaringan dan metabolisme lemak untuk reproduksi, laktasi, dan pertumbuhan tubuh yang normal (Etherton and Bauman, 1998; Peel and Bauman, 1987; Van der Walt, 1994). Khusus pada kambing, gen GH terletak pada kromosom 19 dengan urutan basa nukleotida sepanjang 2544 bp (Kioka *et al.*, 1989) serta terdiri dari 5 ekson dan 4 intron (Dettori *et al.*, 2013). Dijelaskan lebih lanjut bahwa gen GH memiliki variasi genotip yang sangat tinggi pada ekson 3, 4, dan 5, sedangkan pada ekson 1 dan 2 pola genotipnya lebih seragam. Penelitian sebelumnya melaporkan bahwa variasi alel gen GH berpengaruh terhadap sifat ukuran tubuh (Hua *et al.*, 2009), dan alel A merupakan alel pembawa sifat pertumbuhan yang superior dibandingkan dengan alel B (An *et al.*, 2011).

Secara spesifik, penelitian tentang perubahan frekuensi alel gen GH pada populasi kambing keturunan atau hasil persilangan kambing Boer dengan kambing Jawa Randu belum ditemukan. Berdasarkan hal tersebut, maka penelitian ini bertujuan untuk menganalisis perubahan frekuensi atau variasi alel gen GH pada masing-masing populasi bangsa kambing keturunan Boer dengan kambing Jawa Randu, yang kemudian dihubungkan dengan tampilan ukuran tubuh. Hasil penelitian ini selanjutnya dapat digunakan sebagai dasar evaluasi keberhasilan persilangan antara kambing Boer dan Jawa Randu, dengan melihat komposisi alel gen GH yang optimal untuk mendapatkan tampilan pertumbuhan kambing yang terbaik.

Materi dan Metode

Sampel DNA

Sumber DNA pada penelitian ini diambil dari darah kelompok kambing Boer dan keturunannya dengan kambing Jawa Randu yaitu Boerja F1, F2 dan F3. Keturunan kambing Boer tersebut didapatkan melalui proses persilangan secara *backcross* yang telah dilaporkan pada penelitian sebelumnya (Prastowo *et al.*, 2019). Sebanyak 3 ml darah dikoleksi dari *vena jugularis*, kemudian ditampung pada *sample tubes* yang mengandung antikoagulan

Ethylenediaminetetraacetic Acid (EDTA). Sampel selanjutnya disimpan pada suhu 5°C sampai proses ekstraksi DNA dilakukan.

Ekstraksi DNA dan Gen GH *Genotyping*

Ekstraksi DNA pada penelitian ini menggunakan sediaan bahan bernama *Wizard® Genomic DNA Purification Kit* (Promega, Madison USA). Seluruh proses ekstraksi DNA dilakukan sesuai dengan petunjuk pabrik tanpa adanya penyesuaian. Hasil DNA pada setiap sampel selanjutnya disimpan pada suhu -20°C untuk reaksi PCR.

Fragmen gen GH diamplifikasi menggunakan pasangan primer *forward* 5'-CTCTGCCTGCCCTGGACT-3', serta primer *reverse*: 5'-GGAGAAGCAGAAGGCAACC - 3' (Hua et al., 2009). Pasangan primer tersebut mampu mengamplifikasikan fragment gen GH pada ekson 2 dan 3 sebesar 422 bp, pada lokus A781G dengan *accession number* EU048226. Komposisi reaksi PCR yang digunakan dalam penelitian ini adalah 1 µl sampel DNA, 10 µl GoTaq (Promega), 7 µl ddH₂O, serta primer *forward* dan *reverse* masing-masing sebanyak 1 µl. Suhu *annealing* yang digunakan untuk pasangan primer tersebut adalah 60°C selama 30 detik dan reaksi dilakukan sebanyak 35 siklus pada mesin *thermocycler* (SelectCycler™ II Thermal Cycler). Setiap reaksi PCR yang dilakukan selalu disertai dengan kontrol negatif yaitu reaksi PCR yang menggunakan ddH₂O sebagai pengganti sampel DNA. Hal ini bertujuan untuk memastikan tidak terjadi kontaminasi pada reaksi PCR. Hasil amplifikasi (produk PCR) tersebut kemudian divisualisasikan pada *agarose gel* 2% dengan penambahan *ethidium bromide*.

Variasi alel gen GH selanjutnya ditentukan dengan metode *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) menggunakan enzim restriksi *HaeIII* (Thermoscientific) (Hua et al., 2009) yang memotong urutan DNA pada situs 5'-GG↓CC -3' dengan target SNP rs645516168. Variasi alel gen GH dalam

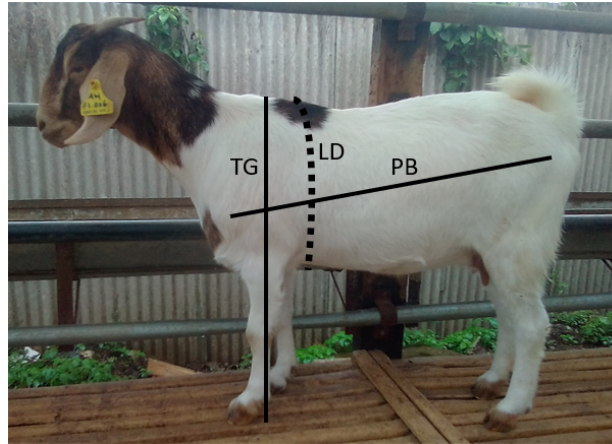
penelitian ini selanjutnya akan disebut sebagai gen GH|*HaeIII*. Prosedur RFLP dilakukan dengan menginkubasi atau mendigesti sebanyak 5 µl produk PCR dengan 5 unit enzim restriksi pada suhu 37°C selama 45 menit. Hasil digesti kemudian divisualisasikan pada *agarose gel* 4% dan variasi alel ditentukan dengan melihat ukuran pita DNA yang terbentuk. Alel A ditandai dengan pita DNA berukuran 366 bp, sedangkan alel B memiliki ukuran 422 bp.

DNA Sequencing

Fragmen DNA yang telah diamplifikasi selanjutnya dianalisis dengan metode *sequencing*, untuk memastikan bahwa hasil amplifikasi tersebut merupakan gen GH (Gen ID: EU04822.1) yang ditargetkan. Hasil *sequencing* tersebut kemudian dibandingkan dengan *sequence* yang terdapat pada database (NCBI) menggunakan perangkat lunak BLASTN. Selain itu, hasil *sequencing* juga digunakan untuk menganalisis titik mutasi basa DNA pada analisis *chromatogram*. Proses *sequencing* pada penelitian ini menggunakan metode Sanger, yang dilakukan di 1st BASE DNA Sequencing Services Singapore.

Ukuran Tubuh

Ukuran tubuh kambing yang diambil pada penelitian ini adalah LD, PB, dan TG pada kambing betina yang berumur 1 tahun, dengan bantuan pita ukur pada posisi kambing berdiri tegak dan keempat kaki kambing membentuk empat persegi panjang seperti dapat dilihat pada Gambar 1. Pengukuran LD dilakukan dengan melingkarkan pita ukur pada dada di belakang siku, sedangkan untuk PB dilakukan dengan membentangkan pita ukur dari ujung sendi bahu *tubersitas humeri* sampai tulang duduk *tuber ischii*. Pengukuran TG dilakukan dengan bantuan tongkat ukur, yang mengukur dari titik gumba pada bagian tulang rusuk ketiga dan keempat sampai ketanah. Seluruh ukuran tubuh menggunakan satuan sentimeter (cm).



Gambar 1. Pengukuran ukuran tubuh kambing
LD = Lingkar Dada, PB = Panjang Badan, dan TG = Tinggi Gumba

Perhitungan Frekuensi Alel, Frekuensi Genotip, dan Nilai Heterozigositas

Frekuensi alel dihitung dengan menggunakan rumus berikut ini:

$$x_i = \frac{2n_{ii} + \sum n_{ij}}{2N}$$

Keterangan :

- x_i = Frekuensi Alel ke-i
- n_{ii} = Jumlah individu bergenotip ii
- n_{ij} = Jumlah sampel yang bergenotip ij
- N = Jumlah individu sampel

Frekuensi genotip dihitung dengan menggunakan rumus:

$$x_{ij} = \frac{n_{ij}}{N} \times 100\%$$

Keterangan:

- x_{ii} = Frekuensi genotip homozigot (ii)
- x_{ij} = Frekuensi genotip heterozigot (ij)
- n_{ii} = Jumlah individu bergenotipe ii
- n_{ij} = Jumlah individu bergenotipe ij
- N = Jumlah individu sampel

Nilai heterozigositas pada penelitian ini dihitung dengan menggunakan rumus berikut ini:

$$He = 1 - \sum_{i=1}^n (P_i)^2$$

Keterangan:

- He = heterozigositas
- n = jumlah alel
- i = alel
- P_i = frekuensi alel i

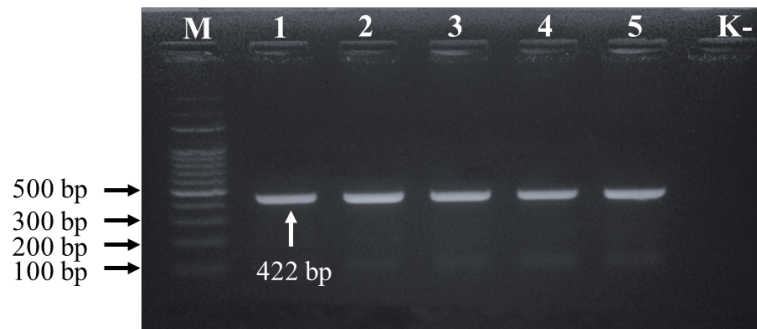
Hubungan Ukuran Tubuh dan Frekuensi Alel

Ukuran tubuh kambing dibandingkan antar populasi kambing keturunan Boer dengan menggunakan *General Linear Model* pada $\alpha=0,05$. Analisis statistik pada penelitian ini menggunakan bantuan software R (R Core Team, 2019). Selanjutnya, hasil perhitungan frekuensi alel dan pola peningkatannya pada setiap bangsa kambing dibandingkan secara deskriptif dengan ukuran tubuh kambing yang diamati.

Hasil dan Pembahasan

Variasi Alel dan Genotipe Gen GH | *HaeIII*

Amplifikasi fragmen gen GH pada penelitian ini menghasilkan produk PCR dengan ukuran 422 bp (Gambar 2) yang merupakan bagian dari ekson 2 dan 3 gen GH pada ternak kambing (Hua *et al.*, 2009). *Sequencing* DNA selanjutnya dilakukan pada produk hasil amplifikasi untuk mengonfirmasi hal tersebut, dan dari hasil analisisnya diperoleh tingkat kemiripan dengan bagian gen GH *Capra hircus* (Tabel 1).

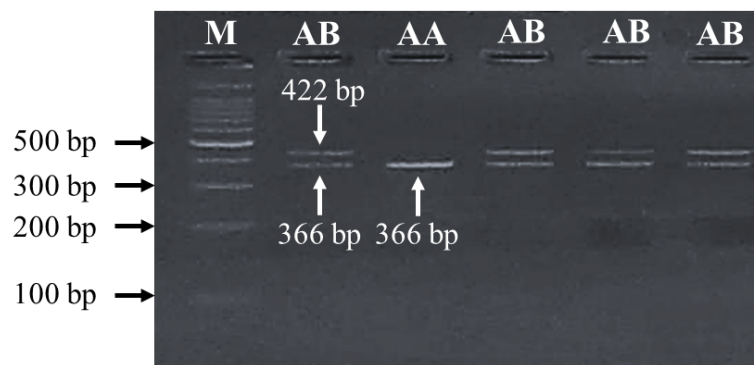


Gambar 2. Visualisasi hasil PCR pada *agarose gel* 2%
M = *Marker* (100 bp), 1–5 = hasil PCR dengan sampel DNA berbeda, K- = kontrol negatif

Tabel 1. Konfirmasi hasil *sequencing* dengan *GenBank database*

Nomor Sampel	Tingkat Kemiripan	Deskripsi	Accession Number*
01	98,10%	<i>Capra hircus Growth Hormone (GH) gene, exons 2 through 4 and patrial cds</i>	EU04822.1
02	98,93%	<i>Capra hircus Growth Hormone (GH) gene, exons 2 through 4 and patrial cds</i>	EU04822.1

*sumber: www.ncbi.nlm.nih.gov

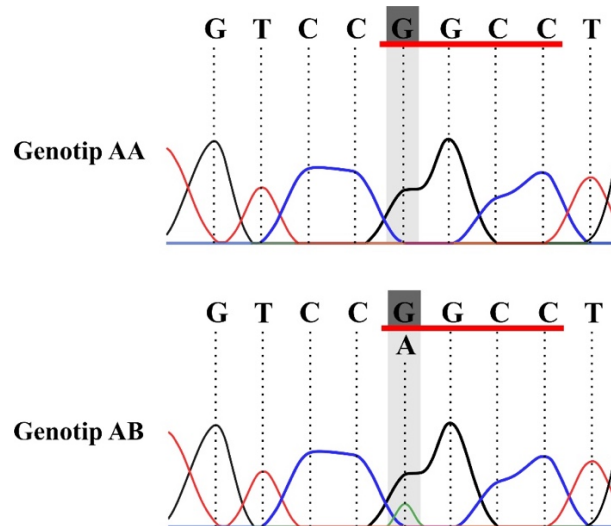


Gambar 3. Genotip gen GH Kambing.
M = *Marker* (100 bp), AA = Genotip AA, AB = Genotipe AB

Penentuan tipe alel selanjutnya dilakukan dengan mendigesti produk PCR menggunakan enzim *HaeIII*. Berdasarkan hasil digesti diperoleh 2 tipe alel gen GH yaitu alel A dan alel B. Alel A berukuran 422 bp (tidak terpotong oleh enzim restriksi), sedangkan alel B berukuran 366 bp dan 56 bp (terpotong pada titik restriksi enzim). Pada penelitian ini ditemukan genotip AA dan AB (Gambar 3), sedangkan untuk genotipe BB tidak ditemukan. Hasil penelitian ini sesuai dengan penelitian sebelumnya (Hua *et al.*, 2009) yang tidak menemukan genotipe BB pada populasi sampel kambing Boer yang digunakan.

Konfirmasi variasi genotip gen GH juga dilakukan dengan analisis *chromatogram* pada urutan basa DNA hasil *sequencing* (Gambar 3). Berdasarkan analisis, pemotongan enzim

HaeIII terjadi pada situs restriksi GG↓CC atau CC↑GG, pada bagian tersebut terdapat mutasi basa nukleotida dari A ke G yang terletak pada ekson 2. Urutan basa DNA yang memiliki *sequence* AGCC tidak terpotong oleh enzim restriksi, sedangkan *sequence* GGCC dapat terpotong. Sampel dengan genotip AA, pada analisis *chromatogram*, memiliki satu puncak (*peak*) garis warna hitam yang menandakan adanya basa nukleotida G (Gambar 4), sedangkan genotip AB memiliki 2 *peak* berwarna hitam dan hijau (basa nukleotida A). Perubahan basa nukleotida A menjadi G tersebut merupakan mutasi substitusi transisi yang menyebabkan terjadinya mutasi *missense* yang merubah asam amino ke-35 yaitu serin menjadi glisin (Hua *et al.*, 2009).



Gambar 4. Chromatogram variasi genotip AA dan AB gen GH.
Garis merah = situs restriksi enzim *HaeIII*

Frekuensi Alel Gen GH/*HaeIII* dan Ukuran Tubuh pada Populasi Kambing Keturunan Boer

Pada penelitian ini frekuensi alel A pada kambing Boerja F1, F2, dan F3 mengalami kenaikan, dan sebaliknya alel B mengalami penurunan. Hal demikian juga terjadi pada nilai heterozigositas (Tabel 2) yang juga menurun. Penelitian sebelumnya (Prastowo *et al.*, 2021), yang melakukan simulasi perhitungan frekuensi alel yang mengontrol bobot badan, melaporkan bahwa pada kambing Boerja F1, F2 dan F3 diperoleh frekuensi alel B (representasi bobot badan tinggi) lebih besar dibanding alel b (representasi bobot badan rendah). Hal demikian sesuai dengan hasil penelitian ini, yang memperoleh frekuensi alel A gen GH/*HaeIII* meningkat pada populasi kambing Boerja F1 ke F2 dan F3. Peningkatan frekuensi alel A tersebut, selanjutnya diiringi dengan adanya pola atau kecenderungan meningkatnya ukuran tubuh kambing baik pada ukuran LD, PB dan TG (Tabel 2). Konformasi tubuh merupakan salah satu parameter yang dibutuhkan sebagai alat bantu pada seleksi,

karena lingkaran dada selalu memiliki korelasi yang erat dengan bobot badan. Pada penelitian ini, hanya ukuran tubuh LD saja yang menunjukkan perbedaan nyata ($p < 0,05$) antara populasi kambing keturunan Boer. Meskipun demikian, ukuran LD sudah dapat menjadi cerminan dari bobot badan masing-masing keturunan kambing Boer pada penelitian ini.

Alel A pada gen GH dilaporkan merupakan alel pembawa sifat pertumbuhan yang superior atau unggul (An *et al.*, 2011). Kenaikan frekuensi alel A, pada kambing Boerja F1, F2, dan F3, terkonfirmasi meningkatkan ukuran tubuh pada populasi kambing tersebut. Hal ini berarti dengan penambahan proporsi bangsa kambing Boer pada setiap populasi hasil persilangan, akan meningkatkan frekuensi alel A yang selanjutnya meningkatkan rerata ukuran tubuh kambing menjadi lebih besar. Ternak kambing yang membawa alel A gen GH baik secara homozigot maupun heterozigot, akan memiliki tampilan ukuran tubuh yang cenderung lebih besar dibanding ternak kambing yang membawa alel B.

Tabel 2. Frekuensi genotipe, alel, dan heterozigositas gen GH

Bangsa	N	Frekuensi Alel		Frekuensi Genotipe		He	Ukuran tubuh (cm)		
		A	B	AA	AB		LD	TG	PB
Boer	20	0,55	0,45	0,10	0,90	0,49	85,55±6,08 ^a	67,00±2,87	69,70±5,13
Boerja F1	6	0,50	0,50	0,00	1,00	0,50	77,33±4,32 ^b	66,83±2,99	66,83±4,26
Boerja F2	7	0,57	0,43	0,14	0,86	0,49	79,42±5,53 ^b	67,00±2,38	67,00±4,24
Boerja F3	11	0,59	0,41	0,18	0,82	0,48	81,36±6,79 ^{ab}	66,91±2,98	67,55±5,13

He = heterozigositas, ^{a, b} superscript berbeda pada kolom yang sama menunjukkan beda nyata ($p < 0,05$)

Pada penelitian ini, nilai heterozigositas (He) tertinggi diperoleh pada hasil persilangan antara kambing Boer dengan Jawarandu, yang disebut Boerja F1 (Tabel 2). Hal ini terjadi karena kedua tetuanya, Boer dan Jawarandu, berasal dari dua bangsa yang berbeda. Persilangan antara dua bangsa yang berbeda dapat diartikan memiliki jarak genetik yang berbeda jauh sehingga menghasilkan nilai He yang tinggi (Bourdon, 2014). Berdasarkan hal tersebut, maka penelitian ini membuktikan bahwa salah satu fungsi persilangan adalah untuk meningkatkan proporsi gen heterozigot dan menurunkan proporsi gen homozigot (Weaver, 2010). Adanya peningkatan nilai He selanjutnya berpengaruh pada nilai heterosis atau *hybrid vigor* yang dapat diukur dari peningkatan rata-rata performa anakan hasil persilangan dibandingkan dengan rata-rata kedua tetuanya. Hal ini dibuktikan pada penelitian sebelumnya (Prastowo *et al.*, 2021) yang melaporkan bahwa bobot badan kambing Boerja F1 lebih tinggi dibandingkan kambing Jawarandu sebagai tetuanya.

Berdasarkan hasil penelitian, dilihat dari ukuran tubuh, *crossbreeding* antara kambing Boer dengan kambing Jawarandu berhasil meningkatkan tampilan atau fenotip. Hal ini dapat dijelaskan karena metode *crossbreeding* dapat memunculkan keunggulan ternak dengan cara meningkatkan proporsi gen yang heterozigot dan menurunkan proporsi gen yang homozigot. Cara ini juga dapat disebut sebagai metode pemanfaatan "*breed complementary*", yaitu dengan memunculkan kombinasi gen-gen unggul kedua breed yang disilangkan dan menutup kelemahan dari gen-gen yang tidak atau kurang baik (Weaver, 2015). Interaksi antara gen dan alel inilah yang menjadi sumber perbedaan tampilan antara populasi tua dengan keturunan yang dihasilkan.

Kesimpulan

Peningkatan frekuensi alel A pada kambing Boerja F1, F2, dan F3 berhubungan dengan meningkatnya tampilan produktivitas ternak yang ditandai dengan ukuran tubuh yang semakin besar. Selanjutnya, variasi alel gen GH dapat digunakan sebagai penanda molekuler untuk keberhasilan program *crossbreeding* antara kambing Boer dengan kambing lokal di Indonesia.

Ucapan Terimakasih

Penerbitan naskah penelitian ini dibiayai dengan dana Hibah Riset Grup Reproduksi dan Pemuliaan ternak, melalui dana PNBPU Universitas Sebelas Maret tahun 2021 yang diketuai oleh Dr. agr. Sigit Prastowo, S.Pt., M.Si., IPM., ASEAN Eng.

Daftar Pustaka

- An, X., Wang, L., Hou, J., Li, G., Song, Y., Wang, J., Yang, M., Cui, Y., & Cao, B. (2011). Novel polymorphisms of goat growth hormone and growth hormone receptor genes and their effects on growth traits. *Molecular Biology Reports*, 38(6), 4037–4043. <http://doi.org/10.1007/s11033-010-0522-3>
- Ayuk, J., & Sheppard, M. C. (2006). Growth hormone and its disorders. *Postgraduate Medical Journal*, 82(963), 24–30. <http://doi.org/10.1136/pgmj.2005.036087>
- Bourdon, R. M. (2014). *Understanding Animal Breeding* (2nd ed.). United State of Amerika: Pearson New International Edition.
- Casey, N. H., & Van Niekerk, W. A. (1988). The Boer Goat I. Origin, Adaptability, Performance Testing, Reproduction and Milk Production. *Small Ruminant Research*, 1(3), 291–302. [http://doi.org/10.1016/0921-4488\(88\)90056-9](http://doi.org/10.1016/0921-4488(88)90056-9)
- Dettoni, M. L., Rocchigiani, A. M., Luridiana, S., Mura, M. C., Carcangiu, V., Pazzola, M., & Vacca, G. M. (2013). Growth hormone gene variability and its effects on milk traits in primiparous Sarda goats. *Journal of Dairy Research*, 80(3), 255–262. <http://doi.org/10.1017/S0022029913000174>
- Etherton, T. D., & Bauman, D. E. (1998). Biology of Somatotropin in Growth and Lactation of Domestic Animals. *Physiological Reviews*, 78(3), 745–761. <http://doi.org/10.1152/physrev.1998.78.3.745>
- Hua, G. H., Chen, S. L., Yu, J. N., Cai, K. L., Wu, C. J., Li, Q. L., Zhang, C. Y., Liang, A. X., Han, L., Geng, L. Y., Shen, Z., Xu, D. Q., & Yang, L. G. (2009). Polymorphism of the growth hormone

- gene and its association with growth traits in Boer goat bucks. *Meat Science*, 81(2), 391–395. <http://doi.org/10.1016/j.meatsci.2008.08.015>
- Kaeppler, S. (2012). Heterosis: Many Genes, Many Mechanisms—End the Search for an Undiscovered Unifying Theory. *ISRN Botany*. <http://doi.org/10.5402/2012/682824>
- Khanal, P., Leite-Browning, M. L., & Browning, R. (2019). Influence of crossbreeding on meat goat doe fitness when comparing Boer F 1 with base breeds in the Southeastern United States. *Journal of Animal Science*, 97(1), 78–89. <http://doi.org/10.1093/jas/sky421>
- Kioka, N., Manabe, E., Abe, M., Hashi, H., Yato, M., Okuno, M., Yamano, Y., Sakai, H., Komano, T., Utsumi, K., & Iritani, A. (1989). Cloning and sequencing of goat growth hormone gene. *Agricultural and Biological Chemistry*, 53(6), 1583–1587. <http://doi.org/10.1080/00021369.1989.10869514>
- Liang, J. B., & Paengkoum, P. (2019). Current status, challenges, and the way forward for dairy goat production in Asia. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 32(8), 1233–1243. <http://doi.org/10.5713/ajas.19.0272>
- Malan, S. W. (2000). The improved Boer goat. *Small Ruminant Research*, 36(2), 165–170. [http://doi.org/10.1016/S0921-4488\(99\)00160-1](http://doi.org/10.1016/S0921-4488(99)00160-1)
- Melchinger, A. E., Utz, H. F., Piepho, H. P., Zeng, Z. B., & Schön, C. C. (2007). The role of epistasis in the manifestation of heterosis: A systems-oriented approach. *Genetics*, 177(3), 1815–1825. <http://doi.org/10.1534/genetics.107.077537>
- Nugroho, T., Nurhidayati, A., Ayuningtyas, A. I. I., Kustiyan, C., Prastowo, S., & Widias, N. (2018). Birth and weaning weight of kids from different Boer goat crosses. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 142, p. 12010). <http://doi.org/10.1088/1755-1315/142/1/012010>
- Parjono, Rusman, & Budisatria, I. G. S. (2014). Carcass Characteristics of Bligon and Kejobong Goats. In *Proceedings of the 16th AAAP Animal Science Congress Vol. II 10-14 November 2014* (Vol. II, pp. 973–975). Yogyakarta: Gadjah Mada University.
- Peel, C. J., & Bauman, D. E. (1987). Somatotropin and Lactation. *Journal of Dairy Science*, 70(2), 474–486. [http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(87\)80030-9](http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(87)80030-9)
- Prastowo, S., Nurhayat, Y. R., Fanny, I., Widowati, I., Nugroho, T., & Widias, N. (2019). Telaah potensi hybrid vigor sifat bobot badan pada silangan kambing Boer dan Jawarandu. *Jurnal Ilmu-Ilmu Peternakan*, 29(1), 65–74. <http://doi.org/10.21776/ub.jiip.2019.029.01.08>
- Prastowo, S., Widowati, I. F. I., Nuraini, D. M., & Widias, N. (2021). Simulating allele frequency changes in Indonesian goat crossbreeding scenarios. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 637). <http://doi.org/10.1088/1755-1315/637/1/012025>
- R Core Team. (2019). R: A language and environment for statistical computing. *R Foundation for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.
- Shrestha, J. N. B., & Fahmy, M. H. (2007). Breeding goats for meat production: 2. Crossbreeding and formation of composite population. *Small Ruminant Research*, 67(2–3), 93–112. <http://doi.org/10.1016/J.SMALLRUMR.ES.2005.10.018>
- Solaiman, S. G. (2010). *Goat Science and Production. Goat science and production*. Iowa, USA: Blackwell Publishing.
- Van der Walt, J. G. (1994). Somatotropin physiology - a review. *South African Journal of Animal Science*, 24(1), 1–9.
- Weaber, B. (2010). Chapter 5 - Crossbreeding for Commercial Beef Production. <https://www.nbcec.org/producers/sire.html>, diakses 16 Maret 2021.
- Weaber, B. (2015). *Crossbreeding Strategies: Terminal and Maternal Crossing*. Range Beef Cow Symposium. 361. <https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1359&context=rangebeefcowsymp>, diakses 16 Maret 2021.

- Widyas, N., Prastowo, S., Nugroho, T., & Ratriyanto, A. (2019). Conventional and Mixed Model Approach to Estimate Heterosis of the Growth Traits in Boer Goat's Crossbred Offspring Populations. *Caraka Tani*, 34(1), 55–60.
- Wodzicka-Tomaszewska, M., Djajanegara, A., Gardiner, S., Wiradarya, T. R., & Mastika, I. M. (1993). *Small Ruminant Production in the Humid Tropics*. Surakarta: Sebelas Maret University Press.