

# Pendugaan Ragam Genetik dan Pengaruh Induk pada Bobot Sapih dan Bobot Umur Setahun Sapi Bali

LISA PRAHARANI

Balai Penelitian Ternak, PO Box 221, Bogor 16002

(Diterima dewan redaksi 7 Agustus 2007)

## ABSTRACT

PRAHARANI, L. 2007. Estimation of direct and maternal effects for weaning and yearling weight in Bali cattle. *JITV* 12(3): 238-247.

Growth trait is a function of its inherent ability for growth, milk production and mothering ability of its dam. A study was conducted to investigate the effects of maternal on the genetic evaluation of Bali cattle. There were 8.320 calves used to analyze genetic parameters affecting W205 and W365. A connectedness program was used to evaluate genetic linkages between contemporary groups (CG). Data were analyzed to observe non-genetik factors using PROC MIXED (SAS). Single and multiple trait analyses were done including CG, sex of calf and dam age as fixed effects. Variance components were computed by the ASREML package using *animal* models BLUP with matrix inverse of relationship. A sequential analysis was performed by including additional random effect to evaluate the inclusion of maternal effects, which were compared using likelihood-ratio tests (LRT). Estimates of direct and maternal effects of single-trait and multiple-traits were different. Heritability for W205-D, W365-D, W205-M, W365-M were 0.31; 0.48; 0.08 and 0.01, respectively. Negatif correlation between direct and maternal effects for both W205-DM and W365-DM were quite moderate. Although the estimates of maternal effects in Bali cattle were low; the inclusion of maternal effects has to be considered due to moderate correlation between direct and maternal effects in order to obtain accurate genetic variances.

**Key Words:** Maternal Effects, Heritability, Live Weights, Bali Cattle

## ABSTRAK

PRAHARANI, L. 2007. Pendugaan ragam genetik dan pengaruh induk pada bobot sapih dan bobot umur setahun sapi Bali. *JITV* 12(3): 238-247.

Suatu penelitian dilakukan untuk mengetahui variasi genetik sifat pertumbuhan ternak (*direct effect*) dan pengaruh induk (*maternal effect*) sapi Bali, menggunakan data bobot hidup dari 8320 ekor ternak berasal dari Propinsi Bali. Prosedur PROC MIXED (SAS) menentukan faktor-faktor non-genetik seperti kelompok sementara (CG), jenis kelamin ternak dan umur induk yang berpengaruh nyata terhadap bobot sapih (W205) dan bobot hidup umur setahun (W365) yang akan digunakan dalam analisa pendugaan ragam genetik. Program hubungan genetik (*Connectednes*) membentuk komponen struktur data antara CG dengan pejantan yang sama. Komponen ragam genetik diperoleh dari program komputer software ASREML menggunakan *animal* model BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) satu-sifat (*single-trait*) dan dua-sifat (*two-trait*) dengan matrik inverse hubungan genetik antar ternak. Analisa sekuen dilakukan melalui penambahan pengaruh induk terhadap komponen ragam genetik bobot hidup sapi Bali selanjutnya dibandingkan dengan *likelihood-ratio tests* (LRT). Heritabilitas ternak dan pengaruh induk kedua sifat pertumbuhan antara model analisa pada satu-sifat dan dua-sifat berbeda. Pemasukan pengaruh induk dalam model mempengaruhi besarnya ragam genetik pada kedua sifat pertumbuhan. Heritabilitas W205-D (ternak), W365-D, W205-M (pengaruh induk), W365-M berturut-turut 0,31; 0,48; 0,08 dan 0,01. Korelasi negatif genetik antara ternak dan induk W205-DM dan W365-DM cukup besar. Meskipun pengaruh genetik induk sapi Bali rendah, sebaiknya pengaruh induk tetap dimasukkan ke dalam model analisa parameter genetik mengingat korelasi antara pengaruh individu dan maternal yang cukup besar untuk mendapatkan perhitungan ragam genetik yang lebih akurat.

**Kata Kunci:** Pengaruh Maternal, Heritabilitas, Bobot Hidup, Sapi Bali

## PENDAHULUAN

Upaya meningkatkan mutu genetik ternak melalui seleksi diperlukan informasi parameter genetik suatu populasi bangsa ternak agar kemajuan respons seleksi dapat diketahui. Selain itu, ragam genetik membantu perhitungan nilai pemuliaan ternak yang akan dipakai sebagai penentuan rangking ternak dalam program

seleksi. Parameter genetik dapat berbeda antar bangsa ternak dan berbeda dari tahun ke tahun. Hal ini disebabkan oleh perubahan manajemen, program seleksi, metode analisa dan struktur data (KOOTIS *et al.*, 1994; GUTIERREZ, 1997). Atas pertimbangan tersebut berbagai asosiasi ternak sapi di negara maju seperti Asosiasi Angus Amerika atau Asosiasi Hereford Amerika secara kontinyu memperbaharui parameter

genetik sifat-sifat ekonomis termasuk sifat pertumbuhan.

Model kuantitatif genetik yang digunakan dalam evaluasi parameter genetik pada awal perkembangannya merupakan penggabungan antara pengaruh genetik ternak dan pengaruh induk. HENDERSON (1953) mengembangkan metoda *linier animal* model yang dikenal dengan BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) memudahkan pemahaman perhitungan komponen ragam genetik dan nilai pemuliaan. Penggunaan animal model dalam analisa ragam genetik ternak memungkinkan pemisahan perhitungan genetik induk dari pengaruh individu ternak (MRODE, 1996). Beberapa pengembangan animal model seperti *sire-model*, *sire-dam model* atau *animal model* lengkap memungkinkan penambahan korelasi peragam ternak dan induk dalam menghitung pengaruh lingkungan induk dan anaknya guna meningkatkan pendekatan estimasi komponen ragam genetik (ELZO, 1996).

Kemajuan perkembangan program komputer memfasilitasi penghitungan komponen ragam genetik yang lebih kompleks, rumit dan akurat pada beberapa sifat ganda (*multiple-trait analyses*) secara bersamaan dengan menggunakan jumlah data yang lebih banyak (MEYER, 1997). Beberapa keuntungan dari analisa sifat ganda antara lain memungkinkan perolehan komponen ragam genetik dan korelasi lebih dari satu sifat yang diamati sehingga respon seleksi pada satu sifat tertentu terhadap sifat lainnya yang berkorelasi dapat terlihat dan diperkirakan. DUCROCQ (1994) melaporkan bahwa analisa sifat ganda dapat menghilangkan bias akibat *culling* (pada bobot sapih dan umur setahun) sehingga akurasi meningkat. Program komputer (*software*) yang lebih canggih diperlukan dalam analisa sifat-ganda dengan melibatkan pengaruh induk dalam model. Program komputer (*software*) yang berkembang saat ini seperti DFREML, MTDFREML, ASREML memudahkan estimasi komponen ragam genetik pengaruh induk pada *animal* model (BOLDMAN *et al.*, 1995; GILMOUR, 2000).

Akurasi pendugaan ragam genetik dan nilai pemuliaan sifat pertumbuhan sangat diperlukan dalam seleksi. CLEMENT *et al.* (2001) menemukan dua faktor yang diduga menjadi penyebab bias estimasi komponen ragam genetik nilai pemuliaan yaitu pemilihan model analisa genetik dan struktur data. Pengaruh pemilihan model genetik yang tidak tepat terhadap ragam genetik pada analisa genetik sifat pertumbuhan yang melibatkan pengaruh induk (ROBINSON, 1996; QUINTANILLA *et al.*, 1999). Pada model analisa genetik sifat pertumbuhan yang tidak menyertakan pengaruh induk, komponen ragam genetik menjadi berlebihan (*overestimate*). Sumber data dari peternak dengan sistem tradisional memiliki catatan produksi, identifikasi dan silsilah *pedigree* yang kurang lengkap mengurangi matrik

*inverse* hubungan genetik. Umumnya di negara berkembang dengan sistem tradisional, inseminasi buatan atau pemakaian pejantan antar kelompok ternak belum dilakukan menyebabkan lemahnya hubungan genetik antara kelompok menghasilkan bias ragam genetik (CAMPELO *et al.*, 2004; MATHUR *et al.*, 1998). Pengaruh struktur data terhadap komponen ragam genetik pada *animal* model sifat pertumbuhan dengan pengaruh induk belum banyak dilaporkan.

Informasi parameter genetik pada sapi lokal Indonesia seperti sapi Bali masih terbatas, sedangkan pengaruh genetik induk sifat pertumbuhan belum pernah dilaporkan. Pendugaan ragam genetik sapi Bali yang dilaporkan oleh DJEGHO *et al.* (1992) dan TALIB *et al.* (1998) merupakan gabungan antara ragam genetik ternak dan pengaruh genetik induk. Kurangnya informasi parameter genetik sapi Bali perlu mendapat perhatian khusus dalam rangka peningkatan mutu genetik sapi Bali melalui seleksi. Analisa genetik sapi Bali secara komprehensif perlu segera dilakukan mengingat peran sapi Bali dalam mendukung penyediaan daging nasional sangat besar.

Tujuan penelitian adalah untuk memperbaharui informasi ragam genetik ternak dan memperoleh informasi pengaruh genetik induk serta mengevaluasi penambahan pengaruh induk terhadap pendugaan komponen ragam genetik bobot sapih dan bobot hidup umur setahun sapi Bali.

## MATERI DAN METODE

### Keadaan umum

Pemeliharaan ternak di lokasi penelitian umumnya dengan pola manajemen yang hampir sama. Ternak induk dan anak dipelihara dalam satu kandang, sampai betina siap melahirkan anak berikutnya. Ternak diberi pakan hijauan dalam kandang sebanyak 25-30 kg rumput berupa rumput lapang, rumput Gajah (bila tersedia dalam kebun rumput) ditambah dedak 1-2 kg ekor<sup>-1</sup>hari<sup>-1</sup> (kadang-kadang) sebagai pakan tambahan dengan sedikit garam. Air Minum tersedia *ad libitum* dalam kandang. Ternak betina yang bunting diberi pakan tambahan berupa dedak dan atau sisa limbah pertanian lainnya seperti kulit jagung, jerami kacang tanah. Perkawinan dilakukan melalui kawin alam dengan pejantan milik kelompok (pejantan komunal), tetapi bila memungkinkan perkawinan dilakukan melalui inseminasi buatan (IB). Pengobatan secara teratur diberikan oleh peternak dengan bantuan Dinas/Instansi Peternakan setempat.

### Pengumpulan data

Sebanyak 8.260 ekor anak sapi yang terdiri dari 4281 ekor jantan dan 3979 ekor betina yang lahir antara

tahun 1985 dan 2001 di Propinsi Bali digunakan dalam penelitian ini. Data bobot hidup diperoleh dari 4 lokasi yang berbeda pada umur induk yang berbeda (2, 3, 4, 5 dan lebih dari 5 tahun) dari dua jenis kelamin (betina dan jantan) selama 18 tahun dan yang lahir pada musim kemarau (April-September) dan musim hujan (Oktober-Maret). Data yang dikumpulkan terdiri dari data anak dengan dua kali penimbangan sehingga setiap anak memiliki dua data bobot hidup dari dua kali penimbangan. Data bobot hidup pada penimbangan pertama dipakai sebagai data bobot sapih, sedangkan data pada penimbangan kedua dipakai sebagai data bobot hidup umur setahun.

Pada tahap awal analisa, data bobot hidup yang diperoleh dari hasil dua penimbangan ternak pada dua umur yang berbeda dipisahkan dari pencilan (*outlier*). Demikian pula terhadap umur ternak dan bobot hidup yang lebih dari 3 standar deviasi serta ternak-ternak yang tidak diketahui tetuanya. Selanjutnya data bobot sapih (W205) dan bobot setahun (W365) pada berbagai umur anak sebelumnya dikoreksi berdasarkan umur 205 hari dan 365 hari. Data bobot lahir sapi Bali tidak tersedia sehingga digunakan asumsi bobot lahir anak betina dan jantan berturut-turut 17 kg dan 19 kg (PANE, 1990). Persamaan yang digunakan dalam koreksi bobot sapih dan umur setahun berdasarkan umur 205 hari dan 365 hari (BIF, 2002) sebagai berikut:

$$W205: \{[(\text{bobot aktual sapih} - \text{bobot lahir}) / (\text{umur aktual} - 205 \text{ hari})] + \text{bobot lahir}\}$$

$$W365: \{[(\text{bobot aktual setahun} - W205) / (\text{umur aktual} - 205)] \times 160 \text{ hari}\} + W205$$

Sebagai kontemporeri grup (CG), ternak dikelompokkan berdasarkan lokasi-musim-tahun kelahiran guna mengurangi pengaruh non-genetik. Berdasarkan kontemporeri grup, selanjutnya pejantan yang memiliki catatan anak kurang dari lima dalam satu kontemporeri grup tidak diikuti dalam analisa.

#### Analisa data

Untuk mengetahui faktor non genetik yang mempengaruhi bobot hidup maka dilakukan analisa pendahuluan guna menentukan faktor non-genetik yang berpengaruh nyata dalam W205 dan W365 menggunakan PROC MIXED (SAS, 2001). Faktor-faktor non-genetik yang berpengaruh nyata dalam W205 dan W365 dimasukkan sebagai pengaruh tetap (*fixed effects*) ke dalam *animal* model BLUP. Peubah-peubah tersebut adalah CG, jenis kelamin anak, umur induk sebagai peubah pengaruh tetap (*fixed effect*) dan pejantan sebagai pengaruh acak (*random effect*).

Penentuan hubungan genetik melalui penggunaan pejantan yang sama antara kontemporeri grup diketahui dengan menggunakan program *Connectedness* atau

program hubungan genetik (ELZO, 2002) yang merupakan verifikasi program Fortran. Hanya kontemporeri grup yang mempunyai hubungan genetik untuk masing-masing bobot hidup digunakan dalam analisa data.

Matrik *inverse* ( $A^{-1}$ ) hubungan genetik (*numerator relationship matrix*=NRM) antara ternak dibuat berdasarkan informasi ternak, pejantan dan induk sesuai anjuran JOHNSON *et al.* (1992) dalam meningkatkan akurasi pendugaan ragam genetik. Dalam matrik tersebut identifikasi ternak dibuat dengan nomor identifikasi yang lebih besar karena tahun kelahiran lebih terakhir daripada pejantan dan induknya. Sementara itu, identifikasi pejantan dan induk pun harus berbeda dimana nomor identifikasi pejantan lebih kecil dari nomor identifikasi induk untuk memudahkan pembacaan program komputer. Jumlah ternak yang dimasukkan dalam matrik kebalikan sebanyak 13386 ekor terdiri dari 294 pejantan, 4873 induk dan 8219 anak yang lahir antara tahun 1979 dan 2001. Hanya catatan produksi dan tetua (*pedigree*) ternak yang lengkap digunakan dalam analisa data.

#### Analisa komponen ragam genetik

*Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) digunakan untuk mendapatkan ragam genetik individu, pengaruh induk melalui analisa satu-sifat dan analisa dua-sifat dengan memasukan CG, jenis kelamin, umur induk sebagai pengaruh tetap. Sementara itu, pejantan, induk dan lingkungan permanen induk sebagai pengaruh acak. *Animal Model* BLUP dengan pengaruh genetik maternal yang digunakan dalam analisa dapat dijelaskan melalui formula berikut:

$$y = Xb + Z_1 u_i + Z_d u_d + Z_{pe} d_{pe} + e$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} u_i \\ u_d \\ d_{pe} \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{0ii} * A & G_{0id} * A & 0 & 0 \\ G_{0di} * A & G_{0dd} * A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & G_{0pe} * I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & G_{0e} * I \end{bmatrix}$$

keterangan

$y$  = Vektor performan dari W-205 dan W-365

$b$  = Vektor dari grup kontemporeri, jenis kelamin ternak, umur induk, interaksi dua faktor peubah tetap yang signifikan (hasil analisa pendahuluan)

$u_i$  = Vektor pengaruh acak dari genetik ternak yang diperoleh langsung dari kedua tetuanya (*direct genetik*)

$u_d$  = Vektor pengaruh acak dari genetik pengaruh genetik induk (= 1/2 genetik ternak dari induk + pengaruh genetik induk)

- $d_{pe}$  = Vektor pengaruh acak lingkungan yang permanen dari induk sebagai pengaruh genetik induk
- $X$  = Matriks yang hanya berisikan nilai 1 dan 0, serta faktor-faktor linier, kuadratik dan yang menghubungkan ternak terhadap elemen-elemen dalam vektor  $b$
- $Z_i$  = Matriks yang hanya berisikan nilai 1 dan 0 dan yang menghubungkan ternak terhadap elemen-elemen dalam vektor  $u_i$
- $Z_d$  = Matriks yang hanya berisikan nilai 1 dan 0 dan yang menghubungkan ternak terhadap elemen-elemen dalam vektor  $u_d$
- $Z_{pe}$  = Matriks yang hanya berisikan nilai 1 dan 0 dan yang menghubungkan ternak terhadap elemen-elemen dalam vektor  $d_{pe}$
- $e$  = Vektor pengaruh *error* (*residual effect*)
- $G_{oii}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara genetik ternak (*additive direct*)
- $G_{oid}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara genetik ternak dan genetik induk (*maternal effect*)
- $G_{odi}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara genetik induk dan genetik ternak
- $G_{odd}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara genetik induk
- $R_{ope}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara lingkungan permanen induk
- $R_{oe}$  : Matriks peragam  $2 \times 2$  antara lingkungan temporer induk
- $A$  = Matriks hubungan genetik yang ada diantara semua ternak dalam analisa (NRM)
- $I$  = Matriks identitas

Analisa sekuensi dilakukan dengan menggunakan dua atau tiga model berbeda melalui penambahan komponen ragam dan peragam induk. Model 1 memasukan pejantan untuk menghitung ragam genetik ternak (*direct effect*); model 2 memasukan pejantan dan induk untuk menghitung ragam genetik ternak dan pengaruh induk (*maternal effects*); model 3 memasukan pejantan, induk dan peragam pejantan dan induk untuk menghitung ragam individu ternak, pengaruh genetik induk dan peragam genetik individu ternak dan pengaruh induk. Sementara itu, peubah pengaruh tetap dalam model 1, model 2 dan model 3 adalah sama. Model 1, 2 dan model 3, selanjutnya dibandingkan menggunakan *likelihood-ratio tests* (LRT) dengan selang kepercayaan 95%. Analisa statistik LRT untuk kedua model mengikuti perhitungan RAO (1973) yaitu:

$$LR_{ij} = -2 \log_e (L_j/L_i) = 2 \log_e L_i - 2 \log_e L_j$$

keterangan:

- $L_i$  = *Likelihood* maksimum model yang akan dibandingkan (model 2 atau model 3)
- $L_j$  = *Likelihood* maksimum model pembandingnya (model 1 atau model 2).

Perbedaan kedua model tersebut diuji dengan distribusi  $X^2$  (*chi-square*) dengan menggunakan derajat bebas komponen ragam dan peragam dalam model tersebut (DOBSON, 1990).

Pendugaan ragam dan peragam genetik diperoleh dari analisa *animal* model menggunakan ASREML (GILMOUR, 2000) software dengan menyertakan NRM. Konfergen diasumsikan telah tercapai pada saat dua iterasi menghasilkan nilai log-likelihood kurang dari 0.0002. Pendugaan heritabilitas berdasarkan rumus:

$$h^2_d = \sigma^2_d / \sigma^2_p$$

keterangan:

- $\sigma^2_d$  = Ragam aditif ternak (*direct effect*)
- $\sigma^2_p$  = Total ragam fenotipik yang merupakan gabungan dari  $\sigma^2_d$ ,  $\sigma^2_m$  (ragam aditif dari pengaruh genetik maternal),
- $\sigma^2_{pe}$  = Pengaruh lingkungan induk yang bersifat tetap
- $\sigma^2_e$  = Pengaruh residual.

Sementara itu, pendugaan heritabilitas pengaruh genetik maternal berdasarkan rumus:  $h^2_m = \sigma^2_m / \sigma^2_p$ . Galat baku heritabilitas dan korelasi genetik dihitung dengan menggunakan ASREML. Uji nyata dari nilai heritabilitas dan korelasi genetik dan fenotipik menggunakan selang kepercayaan 95% dan galat baku.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Struktur data

Rataan bobot hidup pada penimbangan pertama sebesar  $90,5 \pm 15,46$  kg (W205) dan penimbangan kedua sebesar  $139,5 \pm 16,33$  kg (W365) seperti terlihat dalam Tabel 1. Data bobot hidup ternak pada umur antara 110 dan 270 hari dalam penimbangan pertama digunakan untuk menganalisa W205, sedangkan bobot hidup ternak pada umur 271 dan 450 hari dalam penimbangan kedua untuk W365. Rataan jumlah anak yang dimiliki oleh seekor pejantan pada W205 dan W365 hampir sama. Sementara itu, induk memiliki catatan anak rata-rata 2,03 dan 1,4 untuk W205 dan W365 secara berurutan.

Hasil analisa pendahuluan menunjukkan pengaruh tetap yang berpengaruh nyata ( $P < 0,05$ ) terhadap bobot W205 dan W365 adalah umur induk, jenis kelamin, umur ternak (*linear*) dan interaksi antara umur induk

dan jenis kelamin yang untuk selanjutnya dimasukan ke dalam model analisa pendugaan parameter genetik.

Tabel 1. Struktur data berdasarkan jumlah CG, pejantan, induk dan anak

Komponen	W205	W365
Jumlah catatan ternak	7,570	6,955
Kontemporari grup (CG)	118	118
Jumlah pejantan	294	281
Jumlah induk	3,728	4,873
Rasio pejantan dan anak	25,75	24,75
Rasio induk dan anak	2,03	1,42
Rasio pejantan dan induk	12,68	17,34
Jumlah anak/CG	64,15	58,94
Rataan bobot hidup (kg)	90,5	139,5
Standar deviasi	15,46	16,33

### Ragam genetik ternak

Komponen ragam dan pendugaan parameter genetik hasil analisa satu sifat dengan beberapa model dan analisa dua-sifat disajikan dalam Tabel 2. Nilai heritabilitas W205-D, W365-D pada ketiga model dan analisa dua-sifat lebih besar dari nol ( $P < 0,01$ ). Secara umum, nilai heritabilitas W205-D lebih rendah dibandingkan dengan W365-D pada ketiga model baik analisa satu-sifat maupun analisa dua-sifat berturut-turut dengan kisaran 0,30-0,39 (W205-D) dan 0,49-0,54 (W365-D). Beberapa peneliti melaporkan nilai heritabilitas bobot sapih lebih rendah dibandingkan dengan bobot umur setahun (ALBUQUERQUE dan MEYER, 2001). Pendugaan nilai heritabilitas sifat pertumbuhan sapi Bali dalam penelitian ini termasuk dalam kisaran heritabilitas bobot sapih dan umur setahun sapi potong seperti yang dirangkum oleh GROENEVELD *et al.* (1998). Hasil analisa dua-sifat memperlihatkan adanya ragam genetik sifat pertumbuhan yang cukup besar pada sapi Bali sehingga seleksi terhadap sifat pertumbuhan diharapkan efektif. Nilai heritabilitas sifat pertumbuhan sapi Bali agak berbeda dengan penelitian terdahulu. Ragam genetik sifat pertumbuhan pada sapi Bali antara 0,11-0,19 (SUDRANA, 1988; PACKARD *et al.*, 1990; DJEGHO *et al.*, 1992) lebih rendah dari penelitian ini. Sementara itu, TALIB *et al.* (1998) melaporkan variasi genetik sifat pertumbuhan sebesar 0,38. Nilai heritabilitas tersebut merupakan gabungan antara nilai ragam genetik ternak dan pengaruh induk. Penelitian terdahulu menggunakan jumlah data lebih sedikit, metoda penelitian

menggunakan *software* Harvey dengan pejantan dalam kelompok dan masa penelitian antara 1980-1990, serta tidak memasukan pengaruh induk dalam model analisa. Ragam genetik dipengaruhi oleh perbedaan jumlah data (struktur) yang dianalisa, metoda analisa genetik, koneksitas (hubungan genetik antara kelompok ternak) dan masa penelitian (MOHUIDDIN, 1993; CLEMENT *et al.*, 2001). Penelitian ini menggunakan program hubungan genetik antara CG berdasarkan pejantan yang sama seperti yang dianjurkan oleh ELZO (2002). Program hubungan genetik ini sangat disarankan dalam analisa ragam genetik guna mengurangi bias dan memperkecil kesalahan pendugaan keragaman (CAMPELO *et al.*, 2004; MATHUR *et al.*, 1998). Struktur data yang kurang memiliki hubungan genetik antara CG menghasilkan nilai ragam genetik di luar dugaan (*underestimate*) seperti yang dilaporkan CLEMENT *et al.* (2001). Pendugaan ragam genetik yang lebih tinggi dibandingkan dengan penelitian terdahulu disebabkan penggunaan *inverse* matrik  $A^{-1}$  (NRM) dalam penelitian ini guna meningkatkan akurasi. JOHNSON *et al.* (1992) melaporkan bahwa heritabilitas ternak dan pengaruh induk lebih tinggi pada analisa menggunakan matriks  $A^{-1}$  dibandingkan dengan analisa yang tidak menggunakan  $A^{-1}$ .

Ragam dan peragam genetik W205-D dan W365-D antara ketiga model analisa satu-sifat dan dua-sifat pada Tabel 2, terlihat berbeda. Pada analisa satu-sifat model 2 dan model 3 dimana pengaruh genetik induk ditambahkan dalam kedua model tersebut, terlihat bahwa pendugaan heritabilitas W205-D lebih rendah (0,30 dan 0,31) dibandingkan dengan model 1 (tanpa pengaruh induk) yaitu sebesar 0,37. Pendugaan heritabilitas W365-D pada model 2 dan 3 juga terlihat lebih rendah dibandingkan pada model 1. Berkurangnya nilai pendugaan genetik individu akibat penambahan pengaruh induk dalam model analisa sebagai yang dilaporkan CAMPELO *et al.* (2004). Selanjutnya dikatakan bahwa ragam genetik aditif individu akan berkurang bila pengaruh induk ditambahkan dalam model analisa komponen ragam genetik. Penambahan pengaruh induk pada model mempengaruhi nilai heritabilitas kedua sifat pertumbuhan tersebut. Namun pada model 2 dan model 3, penambahan peragam pejantan dan induk kurang berpengaruh pada nilai heritabilitas yang disebabkan kecilnya peragam pejantan dan induk. Nilai heritabilitas analisa dua-sifat terlihat lebih tinggi dibandingkan dengan model 2 dan 3 sebesar 0,39 dan 0,51 berturut-turut untuk W205-D dan W365-D. Nilai heritabilitas W205-D dan W365-D hasil analisa satu-sifat pada model 1 (tanpa pengaruh induk) hampir sama dengan analisa dua-sifat masing-masing 0,37 dan 0,39. Nilai pendugaan heritabilitas W205-D dan W365-D pada model 1 analisa satu-sifat terlihat tidak berlebihan (*overestimate*).

**Tabel 2.** Komponen ragam (peragam), heritabilitas dan korelasi

Parameter	Satu-sifat			Dua-sifat
	Model 1	Model 2	Model 3	
<b>Ragam (<math>\sigma^2</math>)</b>				
W205-D	42,51 ± 6,02	37,30 ± 8,21	36,44 ± 7,34	51,62 ± 8,45
W205-M		8,90 ± 1,73	9,20 ± 1,23	7,50 ± 0,01
W205-P	122,60 ± 3,51	118,71 ± 5,22	115,41 ± 11,45	131,92 ± 13,61
W205-DM			-0,91 ± 3,57	
W365-D	161,32 ± 26,30	182,30 ± 26,34	175,70 ± 26,22	198,13 ± 16,58
W365-M		6,21 ± 2,85	6,11 ± 2,87	4,32 ± 0,09
W365-DM			-4,80 ± 8,38	
W365-P	298,01 ± 26,32	370,04 ± 26,32	358,92 ± 30,09	389,75 ± 31,36
<b>Heritabilitas (<math>h^2</math>)</b>				
W205-D	0,37 ± 0,05	0,30 ± 0,05	0,31 ± 0,05	0,39 ± 0,03
W205-M		0,08 ± 0,01	0,08 ± 0,01	0,07 ± 0,001
W365-D	0,54 ± 0,04	0,49 ± 0,02	0,48 ± 0,06	0,51 ± 0,04
W365-M		0,02 ± 0,01	0,02 ± 0,01	0,01 ± 0,001
W205-DM			-0,44 ± 0,14	
W365-DM			-0,81 ± 0,23	

D: genetik ternak (*direct effect*); M: genetik pengaruh induk (*maternal effect*); DM: korelasi genetik ternak dan pengaruh induk; P: fenotipik

Dilaporkan bahwa pendugaan heritabilitas sifat pertumbuhan hasil analisa model tanpa pengaruh induk menjadi berlebihan (duakali lebih besar daripada nilai sesungguhnya) sehingga meningkatkan bias yang pada akhirnya akan mempengaruhi perkiraan respon seleksi (GUTIERREZ *et al.*, 1997; CLEMENT *et al.*, 2001). Pada model genetik tanpa pengaruh induk, terdapat kesulitan penggunaan *animal* model dalam membedakan besarnya kontribusi ragam genetik pengaruh induk (*maternal effect*) dan ragam genetik induk yang diturunkan langsung terhadap pertumbuhan anak (*direct effect*). Ragam pengaruh induk pada model tersebut menyatu dengan ragam *residual/error*. Dalam analisa genetik sifat pertumbuhan jelas terlihat pentingnya menyertakan pengaruh induk dalam model genetik untuk menghindari bias yang besar (50% lebih besar dari nilai sesungguhnya). Sebaliknya CLEMENT *et al.* (2001) menegaskan penambahan peubah acak yang tidak diperlukan juga akan membuat bias ragam genetik.

**Ragam genetik pengaruh induk**

Analisa parameter genetik baik pada satu-sifat maupun dua-sifat untuk kedua sifat pertumbuhan dalam penelitian ini belum berhasil memisahkan pengaruh

induk dan lingkungan permanen disebabkan sedikitnya jumlah pemilikan anak per induk. Struktur data ini tidak memungkinkan program ASREML menghitung variasi lingkungan permanen induk. Struktur data yang baik dapat memisahkan pengaruh lingkungan induk dengan pengaruh genetiknya (GUTIERREZ *et al.*, 1997) tetapi sedikitnya data performan dan informasi catatan induk dan silsilah induk menyebabkan sulitnya perhitungan ragam lingkungan induk. Menurut MANIATIS dan POLLOTT (2003) struktur data dapat mempengaruhi analisa ragam genetik pengaruh induk. Kesulitan yang sama dijumpai oleh MEYER (1997) dengan menggunakan data dari peternak (lapang). Komponen ragam dan peragam pengaruh induk dalam penelitian ini merupakan gabungan antara ragam lingkungan dan genetik pengaruh induk. Peniadaan pengaruh lingkungan induk menurut CLEMENT *et al.* (2001) akan membuat bias (*overestimate*) pendugaan ragam genetik pengaruh induk.

Nilai heritabilitas pengaruh induk W205-M dan W365-M baik dari analisa satu-sifat pada model 2 dan 3 maupun analisa dua-sifat berkisar antara 0,01-0,08 dimana W205-M lebih besar dibandingkan dengan W365-M. Hal ini menunjukkan berkurangnya peran induk dengan bertambahnya umur anak. Pengaruh induk diharapkan berkurang pada bobot umur setahun

karena anak tidak bergantung lagi pada induknya. Hal yang sama dilaporkan pula pada beberapa bangsa sapi (ALBUQUERQUE dan MEYER, 2001). Ragam genetik pengaruh induk berbeda sesuai dengan umur ternak dimana terjadi peningkatan dengan bertambahnya umur anak sampai pada umur sapih dan selanjutnya menurun sampai umur 18 bulan seperti yang dilaporkan AZIZ *et al.* (2005). Pendugaan nilai heritabilitas W205-M dan W365-M analisa satu-sifat pada model 2 dan model 3 hampir sama dengan analisa dua-sifat, meskipun cenderung lebih rendah. Keadaan yang demikian menunjukkan bahwa perbedaan analisa dapat menyebabkan hasil yang tidak konsisten. Adanya pengaruh maternal dalam model evaluasi genetik mengurangi ragam genetik ternaknya.

Secara umum, nilai ragam genetik pengaruh induk dalam penelitian ini tergolong rendah (kurang dari 20%), tetapi lebih tinggi dibandingkan dengan analisa ragam genetik pengaruh induk sapi Bali yang dilaporkan oleh PRAHARANI (2004) yaitu sebesar 1% dengan sedikit perbedaan metodologi melalui pengelompokan umur induk dan bobot hidup ternak terkoreksi. Ragam genetik pengaruh induk hasil penelitian ini rendah, namun masih dalam kisaran umumnya sapi potong yang dilaporkan oleh KOOTS *et al.* (1994) dan GROENEVELD *et al.* (1998). Rendahnya variasi genetik pengaruh induk pada beberapa bangsa sapi *Bos taurus* dan *Bos indicus* telah pula dilaporkan LOBO *et al.* (2000); dan DEMEKE *et al.* (2003). Pengaruh genetik induk yang rendah dalam penelitian ini hampir sama dengan heritabilitas pengaruh induk sebesar 0,04 dan 0,06 pada sapi Brahman dan Wokalup.

Rendahnya ragam genetik pengaruh induk sapi Bali pada penelitian ini disebabkan sedikitnya jumlah pemilikan anak per induk yakni rata-rata 2,03 dan 1,42 untuk W205 dan W365. Keterbatasan data di lapang (peternak) karena sedikitnya catatan jumlah anak per induk menyebabkan rendahnya pendugaan ragam sifat pengaruh induk (CLEMENT *et al.*, 2001). Selain itu kurangnya catatan produksi induk dan informasi silsilah induk (*pedigree*) juga dapat mempengaruhi analisa ragam genetik pengaruh induk seperti yang dilaporkan oleh MANIATIS dan POLLOTT (2003). Penelitian pada sapi Bali ini hanya berdasarkan catatan produksi anak saja, sedangkan catatan produksi induk tidak tersedia. Rendahnya sifat pengaruh induk pada sapi Bali kemungkinan pula disebabkan pula oleh rendahnya produksi susu induk sapi Bali seperti yang dilaporkan oleh BAMUALIM dan WIRDAHAYATI (2002). Berdasarkan ragam genetik pengaruh induk pada sapi Bali ini, seleksi sifat pengaruh induk belum disarankan akan menghasilkan kemajuan genetik yang nyata sebagai respon seleksi sifat pertumbuhan sehingga perlu pengamatan lebih lanjut.

Korelasi antara genetik individu dan pengaruh induk W205-DM dan W365-DM analisa satu-sifat pada model

3 sebesar -0,44 dan -0,81 (Tabel 2). Nilai korelasi negatif tersebut memperlihatkan adanya sifat antagonisme antara ragam genetik individu dan pengaruh induk. Beberapa peneliti melaporkan korelasi negatif yang cukup besar antara genetik ternak dan pengaruh induk menunjukkan adanya antagonisme antara genetik ternak dan pengaruh induk (CHEVERUD, 2003; CAMPELO *et al.*, 2003) dengan kisaran antara -0,91 sampai -0,31 untuk bobot sapih pada analisa satu-sifat dan dua-sifat dan -0,91 sampai 0,49 untuk bobot setahun seperti yang dilaporkan ROBINSON (1996) dan LEE *et al.* (2000). Korelasi negatif antara genetik ternak dan pengaruh induk yang cukup besar ini disebabkan adanya korelasi lingkungan yang berlawanan (negatif) antara induk dan anaknya, dimana anak betina dari induk-induk yang superior tidak menyediakan lingkungan (merawat) anaknya dengan baik (MATOS *et al.*, 2000; IWASAKI *et al.*, 2005). Dalam evaluasi genetik menggunakan data dari lapang (peternak), kadangkala hasil analisa tidak seperti yang diharapkan. Korelasi lingkungan ternak dan induknya tidak dapat dianggap sebagai penyebab utama besarnya korelasi negatif antara genetik ternak dan induk. ROBINSON (1996) menjelaskan bahwa pada ternak sapi potong estimasi korelasi negatif kemungkinan juga disebabkan oleh faktor non-genetik lainnya seperti interaksi antara pejantan dan kelompok induk (*sire x herd*).

Oleh karena adanya sifat antagonisme antara ragam genetik individu dan pengaruh induk, maka dalam evaluasi genetik sifat pertumbuhan baik pra-sapih maupun pasca-sapih, pengaruh induk perlu dimasukkan ke dalam model analisa genetik. MEYER (1997) menganjurkan sebaiknya pengaruh genetik induk dimasukkan ke dalam model analisa guna mengurangi bias perhitungan ragam genetiknya. Sementara LEE *et al.* (2000) menyarankan untuk mempertimbangkannya dalam program seleksi, karena terlihat seleksi terhadap sifat pertumbuhan akan berlawanan dengan sifat pengaruh induknya.

#### Perbandingan model analisa

Nilai minus dua *logaritma likelihood* ( $-2\log_e L$ ) dan uji rasio *likelihood* (LRT) yang digunakan dalam evaluasi signifikansi penambahan pengaruh genetik induk pada ketiga model analisa satu-sifat disajikan dalam Tabel 3. Pada model 1 hanya pejantan sebagai pengaruh acak (*random effects*) dalam menduga ragam genetik ternak; model 2 memasukan pejantan dan induk sebagai pengaruh acak tetapi mengabaikan peragam pejantan dan induk dalam menduga ragam genetik ternak dan pengaruh induk; dan model 3 memasukan pejantan, induk dan peragam pejantan dan induk dalam menentukan ragam genetik ternak, pengaruh induk dan korelasi genetik pejantan dan induk. Hasil uji *logaritma likelihood* dari ketiga model analisa W205 dan W365

Tabel 3. Logaritma likelihood dan uji rasio likelihood

Parameter	-2 log <sub>e</sub> L			LR <sub>ij</sub>		
	Model 1	Model 2	Model 3	LR <sub>12</sub>	LR <sub>23</sub>	LR <sub>13</sub>
W205	213369,8	213251,0	213052,1	118,8*	198,9*	317,7*
W365	252719,3	252602,6	25409,9	116,7*	192,7*	309,4*

\*Nilai likelihood antara model berbeda nyata (P<0,01)

berbeda nyata (P<0,05). Hal ini menunjukkan bahwa komponen ragam genetik antara model 1 berbeda dengan model 2 dan model 3. Penambahan pengaruh induk pada model 2 berpengaruh pada komponen peragam genetik dibandingkan dengan model 1, selanjutnya penambahan korelasi pejantan dan induk pada model 3 mempengaruhi komponen ragam genetik dibandingkan dengan model 1 dan model 2.

Model analisa merupakan sebuah alat atau cara untuk mendapatkan pendugaan komponen ragam genetik dan nilai pemuliaan agar lebih akurat dan mendekati nilai sesungguhnya. Suatu model analisa tidak dapat dikatakan salah ataupun benar, karena model analisa yang paling tepat (*true model*) tidak diketahui secara pasti tetapi dapat diperkirakan. Penetapan model analisa yang benar belum dapat ditentukan dalam penelitian ini mengingat ragam pengaruh lingkungan induk yang tidak dapat dipisahkan dari pengaruh genetik induk yang dapat mengarah bias disebabkan struktur data yang tidak memungkinkan. BIJMAN (2006) dalam penelitiannya mengalami kesulitan dalam menentukan model analisa yang tepat karena pengaruh struktur data yang digunakan dalam analisa komponen ragam pengaruh genetik induk. Meskipun adanya beberapa keterbatasan, model analisa sangat membantu perhitungan pendugaan komponen ragam genetik, sehingga berdasarkan uji LRT penambahan pengaruh induk dengan menyertakan korelasi pejantan dan induk pada model 3 dalam penelitian ini sangat disarankan untuk digunakan dalam evaluasi parameter genetik sapi Bali untuk memperkecil bias.

### KESIMPULAN

Ragam genetik bobot hidup sapih dan umur setahun sapi Bali cukup besar (30-40%) sehingga program seleksi terhadap sifat pertumbuhan diharapkan efektif guna meningkatkan mutu genetik. Pengaruh genetik maternal sapi Bali pada sapih dan umur setahun cukup rendah (10%), tetapi tetap menjadi bahan pertimbangan dalam evaluasi genetik sapi Bali mengingat besarnya nilai negatif korelasi antara genetik ternak dan pengaruh induk guna meningkatkan akurasi nilai ragam genetiknya.

### UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Proyek Pembibitan dan Pengembangan Sapi Bali yang telah memberikan data sapi Bali untuk kepentingan penelitian. Ucapan terimakasih juga disampaikan kepada Dr. Javier Rosales Alday dari INIFAP (Mexico) yang telah membantu dalam pengolahan data.

### DAFTAR PUSTAKA

- ALBUQUERQUE, L.G. and K. MEYER. 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 79: 2776-2789.
- AZIZ, M.A., S. NISHIDA, K. SUZUKI and A. NISHIDA. 2005. Estimation of direct and maternal genetik and permanent environmental effects for weights from birth to 356 days of age in a herd of Japanese Black cattle using random regression. *J. Anim. Sci.* 2005. 83: 519-530.
- BAMUALIM, A. and R.B. WIRDAHAYATI. 2002. Nutrition and management strategies to improve Bali cattle productivity in Nusa Tenggara. Proceeding of an ACIAR Workshop on "Strategies to Improve Bali Cattle in Eastern Indonesia", Denpasar-Bali, Indonesia, 4-7 February 2002. ACIAR. Canberra. pp. 17-22.
- BIF. 2002. Beef Improvement Federation. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs (8<sup>th</sup> Ed). Kansas State Univ., Kansas.
- BIJMA, P. 2006. Estimating maternal genetik effects in livestock. *J. Anim. Sci.* 2006. 84: 800-806.
- BOLDMAN, K.G., L.K. KRIESE, L.D. VAN VLECK, C.P. VAN TASSEL and S.D. KACHMAN. 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service.
- CAMPÊLO, J.E.G., P.S. LOPES, R.A. TORRES, L. CAMPOS. R.F. EUCLYDES, C.V. ARAÚJO and C.S. PEREIRA. 2004. Maternal effects on the genetic evaluation of Tabapua beef cattle. *Gen. Mol. Biol.* 27 (4): 517-521.
- CHEVERUD, J.M. 2003. Evolution in a genetikly heritable social environment. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 100: 4357-4359.
- CLÉMENT, V., B. BIBÉ, É. VERRIER, J.M. ELSÉN, E. MANFREDI, J. BOUTX and É. HANOCQ. 2001. Simulation analysis to

- test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetik parameters for traits with direct and maternal effects. *Genet. Sel. Evol.* 33: 369-395.
- DEMEKE, S., F.W.C. NESER and S.J. SCHOEMAN. 2003. Variance components and genetik parameters for early growth traits in a mixed population of purebred *Bos indicus* and crossbred cattle. *Livest. Prod. Sci.* 84: 11-21.
- DJEGHO, Y, H.T. BLAIR and D.J. GARRICK. 1992. Estimates of phenotypic and genetik parameters for weaning and yearling weights in Bali beef cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 5: 623-628.
- DOBSON, A. 1990. An Introduction To Generalized Linear Models. Chapman and Hall. London.
- DUCROcq, V. 1994. Multiple trait selection. Principles and problems. Proceedings of the 5th World Congress of Genetics in Applied Livestock Production. Guelph, August 7-12, 1994. Guelph, OT, Canada, XVIII: 455-462.
- ELZO, M.A. 1996. Animal breeding notes. Mimeo. University of Florida, Gainesville.
- ELZO, M.A. 2002. Multibreed Connectedness Program CSET (version 11/21/2001). Animal Breeding Mimeo Series, No. 54, University of Florida, Gainesville. pp. 11.
- FERRAZ, J.B., S.J.P. ELER and P.M.T. RIBEIRO. 2000. Genetik study of Santa Gertrudis cattle in Brazil. *Livest. Res. Rural Dev.* 12: 1-9.
- FERRERA, G.B., M.D. MACNEIL and L.D. VAN VLECK. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *J. Anim. Sci.* 77: 2641-2650.
- GILMOUR, A.R., B.R. CULLIS, S.J. WELHAM and R. THOMPSON. 2000. ASREML Reference Manual. Printed by NSW Agriculture, Orange Agricultural Institute, Forest Road, Orange, NSW, 2800 Australia. pp. 217.
- GROENEVELD, E., B.E. MOSTERT and T. RUST. 1998. The covariance structure of growth traits in the Afrikaner beef population. *Livest. Prod. Sci.* 55: 99-107.
- GOYACHE GUTIERREZ, J.P., J. CANON and F. 1997. Estimation of direct and maternal genetik parameters for preweaning traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed through animal and sire models. *J. Anim. Breed. Genet.* 114: 261-266.
- HENDERSON, C.R. 1953. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics* 9: 226-252.
- IWAISAKI H., S. TSURUTA, I. MISZTAL, and J. K. BERTRAND. 2005. Estimation of correlation between maternal permanent environmental effects of related dams in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 83: 537-542.
- JOHNSON, Z.B., D.W. WRIGHT, C.J. BROWN, J.K. BERTRANDS and A.H. BROWN, JR. 1992. Effect of including relationships in the estimation of genetik parameters of beef calves. *J. Anim. Sci.* 70: 78-88.
- KOOTS, K.R., J.P. GIBSON, C. SMITH and J.W. WILTON. 1994. Analyses of published genetik parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Anim. Breed. Abstr.* 62: 309-338.
- LOBO, R.N.B., F.E. MADALENA and A.R. VIEIRA. 2000. Average estimates of genetik parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abstr.* 68: 433-462.
- MATOS, D., I. MISZTAL and J.K. BERTRAND. 2000. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. *J. Anim. Sci.* 78: 33-37.
- MATOS, C.A.P., N. CAROLINO<sup>2</sup>, C.M.V. BETTENCOURT<sup>1</sup> and L.T. GAMA. 2002. Genetik variability for calving interval and growth traits in Mertolenga cattle. Proceeding 7<sup>th</sup> World Congress on Genetiks Applied to Livestock Production. Montpellier, France, August 19-23, 2002. Montpellier. pp. 295-300.
- MANIATIS, N. and G. E. POLLOTT. 2003. The impact of data structure on genetik (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *J. Anim. Sci.* 81:101-108.
- MATHUR, P. K., B. SULLIVAN, and J. CHESNAIS. 1998. A new method for assessing connectedness between herds. Proc. National Swine Improv. Fed. Conf. and annual Meeting. Michigan, USA, Dec. 4-5, 1998. Michigan NISFV 23. pp. 55-60.
- MEYER, K. 1992, Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 31: 179-204.
- MEYER, K. 1997. Estimates of genetik parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Livest. Prod. Sci.* 52: 187- 199.
- MOHIUDDIN, G. 1993. Estimates of genetik and phenotypic parameters of some performance traits in beef cattle. *Anim. Breed. Abstr.* 61: 495-522.
- MRODE, R.A. 1996. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. CAB International. Biddles Ltd, Guilford. UK.
- PACKARD, P.M., I. PANE and C.A. MORRIS. 1990. Improvement programmes for Bali cattle. Proceedings, the 5th AAAP Animal Science Congress. Taipei, Taiwan, Republic of China, May 27-June 1, 1990. The OC the Fifth Anim. Sci. Congress. Miaoli, Taiwan. v. 3 p. 269.
- PANE, I. 1990. Upaya Peningkatan mutu genetik sapi bali di Pulau Bali. Proceedings of Bali Cattle Meeting. Denpasar, Bali 20-23 September, 1990. A42. Fapet Univ. Udayana. Denpasar. pp. A42.
- PRAHARANI, L. 2004. Genetik Evaluation for Growth Traits, Reproductive Performance and Meat Tenderness in Beef Cattle. Disertasi Doktorat. University of Florida. USA.

- RAO. C.R. 1973. Linear Statistical Inference and Its Applications. 2nd edition. John Wiley & Sons, New York, 522 pp.
- ROBINSON, D. 1996. Models which might explain negatif correlations between direct and maternal genetik effects. *Livest. Prod. Sci.* 45: 111-122.
- ROBISON, O.W. 1981. The influence of maternal effects on the efficiency of selection; A review. *Livest. Prod. Sci.* 8: 121-137.
- QUINTANILLA, R., L.VARONA, M.R. PUJOL and J. PIEDRATA. 1999. Maternal animal model with correlation between maternal environmental effects of related dams. *J. Anim. Sci.* 77: 2904-2917.
- SAS. 2001. SAS User's Guide: Statistics. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
- SUDRANA, I.P. 1988. Penampilan Sapi Bali pada Pusat Proyek Pembibitan Sapi Bali di Provinsi Bali. *Thesis Master.* Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- TALIB, C., G.N. HINCH, S. SIVARAJASINGHAM and A. BAMUALIM. 1998. Factors influencing preweaning and weaning weights of Bali (*Bos sondaicus*) calves. Proceedings of 6th World Congress on Genetiks Applied to Livestock Production, Armidale, NSW, Australia, 11-16 Jan. Organising Committee, 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Armidale. Vol. 23, 141.
- WILLHAM, R.L. 1980. Problems in estimating maternal effects. *Livest. Prod. Sci.* 7: 405-418.