

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan suatu negara dengan keanekaragaman hayati yang sangat tinggi, salah satunya adalah kekayaan sumber daya genetik sapi. Berbagai macam bangsa sapi hidup dan tersebar di Indonesia, baik bangsa sapi lokal maupun sapi silangan. Salah satu sapi lokal Indonesia yang cukup banyak dikenal adalah sapi Pesisir. Sapi Pesisir merupakan salah satu sapi lokal Indonesia yang memiliki penampilan dengan bentuk dan ukuran tubuh paling kecil dibandingkan dengan sapi lokal lainnya. Keunggulan dari sapi Pesisir yaitu mampu bertahan hidup pada kondisi lingkungan yang kurang baik, memiliki efisiensi reproduksi yang tinggi, dan mampu memanfaatkan pakan berkualitas jelek (Sarbaini, 2004). Sapi Pesisir mempunyai potensi genetik yang baik karena mempunyai daya adaptasi tinggi, baik terhadap pakan yang berkualitas rendah, maupun terhadap perubahan suhu lingkungan (Yurnalis *et al.*, 2013). Selain sapi Pesisir, sapi Simmental juga dikembangkan di Indonesia karena memiliki keunggulan dapat beradaptasi dengan lingkungan sekitarnya, memiliki ukuran tubuh besar, pertumbuhan otot bagus, dan penimbunan lemak dibawah kulit rendah (Sugeng, 2003).

Dalam penelitian ini peneliti memilih sapi Pesisir dan sapi Simmental, karena sapi Pesisir merupakan plasma nutfah Sumatera Barat yang perlu dikembangkan produktivitasnya, sebagai penghasil daging bagi masyarakat Sumatera Barat dan sapi Simmental karena sapi ini merupakan sapi unggul yang dapat digunakan untuk meningkatkan mutu sapi lokal dengan cara *up breeding*. Karena produktivitas sapi Pesisir ini mulai menurun maka perlu ditingkatkan

produktivitasnya dengan cara perbaikan mutu genetik, salah satunya dengan cara seleksi molekuler dan menggunakan gen kandidat.

Catatan Kementerian Pertanian menunjukkan populasi sapi di Indonesia pada tahun 2015 sekitar 12,36 juta ekor. Angka ini menyusut lebih dari 3 juta ekor dalam tiga tahun terakhir karena pada tahun 2012 populasi sapi di Indonesia sebesar 15,98 juta ekor. Beberapa hasil penelitian menyebutkan penurunan populasi ternak sapi disebabkan antara lain akibat perubahan lingkungan, berupa beralih fungsi lahan pengembalaan menjadi area pertanian atau pemukiman. Upaya yang harus dilakukan untuk mengantisipasi hal tersebut adalah meningkatkan produktivitas melalui perbaikan mutu genetik.

Perbaikan mutu genetik dapat dilakukan melalui seleksi dan persilangan. Seleksi yang baik dilakukan tidak hanya berdasarkan pada penampakan luar (fenotipe), melainkan dikombinasikan dengan seleksi langsung pada tingkat DNA (genotipe) sehingga dapat mengkodekan fenotipe yang ingin diperbaiki kualitasnya, seperti pertumbuhan ternak. Secara genetik pertumbuhan pada ternak diatur oleh banyak pasangan gen (Poligenik). Gen – gen yang diduga memiliki pengaruh pada pertumbuhan ternak diantaranya adalah Gen Growth Hormone (GH), GHR,IGF-1, dan PIT1 (Pituitary specific transcription factor-1) yang telah digunakan sebagai kandidat dalam mencari keterkaitan antara genotip dan fenotipe pada ternak.

Dalam penelitian ini peneliti menggunakan gen (PIT1|*HinfII*) pada sapi Pesisir dan sapi Simmental karena keragaman gen PIT1 berhubungan dengan bobot dan ukuran tubuh pada ternak, bobot sapih dan bobot tahunan (Curi *et al.*, 2006) dan gen PIT1 diduga memiliki pengaruh besar terhadap pertumbuhan

karkas pada ternak. Gen PIT1 berada di daerah kromosom 1. Menurut penelitian Wollard *et al.* (1994) pemotong enzim *HinfII* terletak pada *intron 5* dan *exon 6*. Dalam penelitian Ozdemir (2012) gen PIT1 terdapat 3 genotip *+/+* sebesar 0,65, genotip *+/-* sebesar 0,31, dan genotip *-/-* sebesar 0,04.

Salah satu teknik genetika molekuler yang digunakan untuk mengidentifikasi keragaman suatu fragmen gen adalah teknik PCR-RFLP (*Polimerase Chain Reaction Restriction Fragment Length Polymorphism*) dengan enzim restriksi *HinfII*. Analisis PCR-RFLP sering digunakan untuk mendeteksi lokasi genetik dalam kromosom yang mendeteksi adanya keragaman gen yang berhubungan dengan sifat ekonomis seperti sifat pertumbuhan dan produksi. Penciri molekuler DNA *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP) memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi dan secara luas telah digunakan untuk mendapatkan gambaran populasi genetik dan juga untuk mengidentifikasi gen-gen yang mengkode sifat-sifat penting (Moltado dan Herrera, 1998).

Teknik ini semakin intensif digunakan sebagai penciri genetik karena memiliki beberapa keunggulan diantaranya yaitu perbanyakan DNA secara cepat dengan memakai *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Upaya dalam meningkatkan produktivitas ternak dapat dilakukan dengan perbaikan manajemen pemeliharaan, pakan, dan perbaikan genetik.

Berdasarkan penguraian diatas, maka penulis akan melakukan penelitian dengan judul **“Identifikasi Keragaman Gen Pituitary Specific Transcription Factor-1 (PIT1|*HinfII*) pada Sapi Pesisir dan Sapi Simmental Menggunakan Metode PCR-RFLP “ .**

1.2 Rumusan Masalah

Bagaimana keragaman genotipe gen PIT1|*Hinf*II pada sapi Pesisir dan sapi Simmental dengan menggunakan metode PCR-RFLP.

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik gen PIT1|*Hinf*II pada Sapi Pesisir dan Sapi Simmental menggunakan metode PCR-RFLP.

1.4 Manfaat Penelitian

Diharapkan hasil penelitian ini dapat digunakan sebagai informasi dasar seleksi ternak sapi Pesisir dan sapi Simmental yang ada di Sumatera Barat dan sebagai acuan untuk peneliti berikutnya.

