

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Sapi Pesisir merupakan salah satu varietas sapi lokal yang terdapat di Indonesia dan dikenal memiliki dimensi tubuh terkecil jika dibandingkan dengan varietas sapi lokal lainnya, seperti sapi Bali, sapi Peranakan Ongol (PO), sapi Madura, dan sapi Aceh. Sebagai spesies asli dari wilayah Sumatera Barat, sapi Pesisir menunjukkan sejumlah keunggulan adaptif yang signifikan, termasuk kemampuan beradaptasi secara optimal terhadap kondisi lingkungan yang kurang mendukung serta ketahanan hidup yang tinggi. Selain itu, sapi ini juga memiliki tingkat reproduksi yang relatif tinggi, yang menjadi salah satu faktor penting dalam keberlanjutan populasi (Sarbaini, 2004). Dari segi produksi daging, sapi Pesisir memiliki persentase karkas yang cukup signifikan, dengan kemampuan mencapai antara 50,60% hingga 53% dari berat badan hidup (Khasrad, 2006). Sapi ini dikenal memiliki kemampuan reproduksi yang baik, dengan kemampuan melahirkan anak setiap tahun secara konsisten. Karena karakteristik tersebut, masyarakat di Sumatera Barat memberikan sebutan khusus pada sapi ini, yaitu “jawi ratuih” atau “bantiang ratuih,” yang secara harfiah berarti sapi yang berpopulasi banyak namun berukuran kecil (Bamualim dkk., 2006).

Salah satu ciri khas morfologis yang membedakan sapi ini adalah ukuran tanduknya yang pendek dan mengarah keluar, menyerupai tanduk pada kambing. Selain itu, sapi Pesisir menunjukkan keragaman warna bulu yang cukup tinggi dengan pola warna Tunggal (Sarbaini, 2004). Sapi Pesisir jantan dewasa dengan rentang usia 4 hingga 6 tahun menunjukkan bobot badan rata-rata sekitar 160 kg, yang secara signifikan lebih rendah jika dibandingkan dengan bobot badan sapi

jantan dewasa dari ras Bali dan Madura. Bobot badan sapi Bali dalam kelompok usia yang sama tercatat mencapai 310 kg, sedangkan sapi Madura memiliki bobot badan rata-rata sebesar 248 kg (Adrial, 2010).

Di daerah tropis, sering terjadi fluktuasi suhu di luar zona nyaman, yang dapat menyebabkan stres pada ternak dan berdampak negatif pada produksi serta reproduksinya. Ketika menghadapi stres panas, tubuh ternak akan menyesuaikan suhu tubuhnya dengan berbagai mekanisme fisik, kimia, dan biologis, baik dengan menurunkan ataupun meningkatkan suhu tubuh sesuai perubahan suhu lingkungan (Scholtz *et al.*, 2013).

Gen yang berperan dalam mengontrol toleransi terhadap suhu tinggi adalah gen *Heat Shock Protein 70* (HSP70) yang menghasilkan protein dengan berat sekitar 70 kDa dan berperan dalam sistem pertahanan tubuh menghadapi stres panas. Protein ini berfungsi sebagai kaperon, yang membantu proses pelipatan ulang protein-protein dengan benar ketika terjadinya stres, sehingga sel terlindungi dari kerusakan yang disebabkan oleh perubahan fisiologis, patologis, dan kondisi lingkungan yang tidak normal (Wang *et al.*, 2003). Gen HSP70, yang dikenal juga dengan sebutan HSPA1B atau HSPA1, terletak pada kromosom 23q13 dalam genom sapi. Gen ini memiliki struktur yang terdiri dari wilayah *promotor*, *coding sequence* dan *termination site* tanpa *intron*. Ketidadaan *intron* pada gen HSP70 ini memiliki fungsi penting, yaitu memungkinkan produksi mRNA secara cepat dan efisien. Hal ini sangat krusial untuk memenuhi kebutuhan ekspresi gen HSP70 yang dapat meningkat secara mendadak sebagai respons terhadap kondisi stres seluler (Suhendro dkk., 2024).

Coding sequence pada gen HSP70 berperan sebagai bagian utama yang mengkode protein HSP70 itu sendiri. Selain itu, *coding sequence* juga mengandung elemen-elemen regulatori yang berfungsi mengatur tingkat produksi mRNA, sehingga memengaruhi jumlah protein yang dihasilkan. Dengan demikian, *coding sequence* tidak hanya berperan dalam sintesis protein, tetapi juga dalam pengendalian ekspresi gen secara keseluruhan (Zrimec *et al.*, 2022).

Menurut Hendrick (2000), keragaman genetik didefinisikan sebagai variasi antar individu dalam suatu populasi, baik dari spesies yang sama maupun yang berbeda. Tingkat keragaman tersebut dipengaruhi oleh faktor-faktor seperti seleksi, perkawinan sedarah (*inbreeding*), mutasi, serta migrasi. Mutasi cenderung meningkatkan keragaman genetik, sedangkan migrasi dan *inbreeding* justru menurunkannya, sementara seleksi dapat menghasilkan efek beragam meningkatkan atau menurunkan keragaman tergantung pada arah seleksinya. Menurut Nei (1987), tingkat keragaman genetik pada suatu populasi dapat diukur secara kuantitatif berdasarkan keberadaan lokus polimorfik serta nilai rata-rata heterozigositas yang diamati.

Untuk mengidentifikasi keragaman gen HSP70 dapat dilakukan menggunakan metode Sekuensing DNA. Sekuensing merupakan proses atau teknik penentuan urutan basa nukleotida pada suatu segmen molekul DNA. Urutan tersebut dikenal sebagai sekuens DNA, yang merupakan informasi paling mendasar suatu gen atau genom karena mengandung instruksi yang dibutuhkan untuk pembentukan tubuh makhluk hidup. Pengurutan (*sequencing*) asam nukleat memungkinkan untuk mengetahui kode genetik dari molekul DNA. (Glick, 2010).

Pada penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh (Haddar *et al.*, 2022) mengenai polimorfisme gen HSP70 SNP g.1117G>A (*HSP70|BamI*) dengan menggunakan metode PCR- RFLP. Amplifikasi gen HSP70 menghasilkan fragmen 539 bp dan 2 alel (A dan G). Terdiri dari tiga genotipe yaitu AA (475 bp), AG (475 bp, 369 bp, dan 106 bp), dan GG (369 bp dan 106 bp).

Bonawati (2025) juga telah melakukan penelitian mengenai Keragaman Gen *Heat Shock Protein 70* (HSP70) daerah *Coding Sequence* (CDS) pada Sapi Bali dengan metode PCR dan *direct-sequencing*. Hasil penelitian ini bahwa keragaman genetik pada gen HSP70 CDS pada sapi Bali mendapatkan sembilan SNP dalam wilayah CDS gen HSP70, terdiri atas delapan SNP *synonymous* (c.24C>T, c.31C>T, c.117C>A, c.126G>A, c.324G>A, c.333C>T, c.573G>C, c.1074C>T) dan satu SNP *non-synonymous* c.1265C>T mengubah asam amino *treonin* (T) menjadi *metionin* (M). SNP HSP70 CDS bersifat polimorfik, heterozigositas rendah dan mayoritas berada dalam keseimbangan Hardy-Weinberg.

Berdasarkan uraian di atas maka peneliti tertarik untuk mengidentifikasi gen hsp70 pada sapi Pesisir dalam penelitian yang berjudul “**Identifikasi Keragaman Gen HSP70 (*Heat Shock Protein 70*) Daerah CDS (*Coding DNA Sequence*) Pada sapi Pesisir Menggunakan Metode Sekuensing**”.

1.2 Rumusan Masalah

Apakah terdapat keragaman genetik gen HSP70 (*Heat Shock Protein 70*) bagian CDS (*Coding DNA Sequence*) pada sapi Pesisir menggunakan metode Sekuensing?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui ada atau tidaknya keragaman gen HSP70 (*Heat Shock Protein 70*) bagian CDS (*Coding DNA Sequence*) pada sapi Pesisir menggunakan metode Sekuensing.

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini bermanfaat sebagai informasi dasar tentang Keragaman gen HSP70 (*Heat Shock Protein 70*) bagian CDS (*Coding DNA Sequence*) pada sapi Pesisir menggunakan metode Sekuensing dan dapat dimanfaatkan oleh para peneliti sebagai landasan bagi penelitian berikutnya.

1.5 Hipotesis Penelitian

Hipotesis dari penelitian ini yaitu adanya keragaman gen HSP70 (*Heat Shock Protein 70*) bagian CDS (*Coding DNA Sequence*) pada sapi Pesisir menggunakan metode Sekuensing.

