

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan salah satu negara yang mempunyai potensi sumber daya genetik yang sangat beragam pada ternak, terutama pada ternak sapi. Ternak sapi merupakan sumber daya genetik yang tinggi keanekaragamannya, baik pada produksinya maupun reproduksinya. Kemampuan reproduksinya dipengaruhi oleh kemampuan genetik ternak tersebut. Sapi Pesisir adalah salah satu sumber daya genetik ternak asli Indonesia yang mampu beradaptasi dengan lingkungan pesisir yang kurang baik dan memiliki efisiensi reproduksi yang baik sehingga mudah berkembang diseluruh wilayah Indonesia.

Potensi genetik sapi lokal Indonesia sangat beragam, tetapi belum banyak dimanfaatkan secara optimal. Populasi yang semakin berkembang menghasilkan sumber genetik yang beragam pula. Sumber daya genetik yang beragam tersebut membuat populasi ternak tersebut semakin tahan untuk hidup dalam jangka waktu yang lebih lama. Untuk mendapatkan ternak sapi unggul yang memiliki produktivitas tinggi dan bisa meningkatkan kemampuan reproduksi pada sapi pesisir yaitu bisa dilakukan seleksi pada tingkat DNA. DNA sendiri merupakan molekul penyusun kromosom yang tersusun atas basa-basa nukleotida, gula pentosa, dan deoksiribosa. Urutan nukleotida DNA terdiri dari daerah yang mengkode gen yang disebut ekson dan daerah (non-coding) yang disebut intron. Pemanfaatan penerapan teknologi molekuler tingkat DNA dilakukan dengan cara mengidentifikasi keragaman gen, karena setiap individu ternak memiliki susunan genetik yang berbeda beda.

Salah satu gen yang mempengaruhi sifat reproduksi pada ternak sapi adalah gen *Follicle Stimulating hormone* (FSH). Keberadaan gen tersebut dapat membantu peningkatan produksi sel ovum pada betina. Meskipun banyak kemajuan pada kesuburan atau reproduksi sapi pesisir, yaitu bisa melahirkan anak satu kali dalam setahun. Tetapi upaya pelestarian dan pengembangan sapi pesisir harus terus diupayakan untuk mempertahankan keberadaan ternak sapi yang telah beradaptasi dengan lingkungan sekitar. Oleh karena itu penelitian ini dilakukan untuk menelaah lagi keragaman nukleotida gen FSHR pada sapi pesisir agar dapat dijadikan salah satu acuan dalam peningkatan produktifitas maupun kelestarian plasma nutfah sapi pesisir sehingga bisa digunakan untuk informasi awal dalam seleksi.

Gen *Follicle Stimulating hormone Receptor* (FSHR) diperlukan untuk membawa gen FSH ke target jaringan sehingga dapat diterjemahkan menjadi protein hingga menjadi hormone FSH. FSH bekerja dalam sel melalui reseptor khusus, yaitu FSHR yang terletak secara eksklusif pada gonad. Gen FSHR terdapat pada kromosom 11 yang terdiri dari 10 exon dan 9 intron dengan panjang 194885 bp (NCBI GenBank kode akses NC-037338). Penelitian ini dilakukan pada daerah exon 10 dengan panjang 1456, karena pada exon 10 banyak terdapat sekuen DNA. Untuk mengidentifikasi polimorfisme nukleotida gen FSHR pada exon 10 digunakan sepasang primer forward dan reverse. Apabila keragaman nukleotida terjadi pada gen FSHR, maka dapat dijadikan sebagai *Marker Assisted Selection* (MAS). Untuk memenuhi kriteria seleksi MAS maka perlu dilakukan identifikasi keragaman gen. Beberapa penelitian telah dilakukan untuk identifikasi keragaman gen FSHR pada sapi Lokal. (Sari, 2012) menyatakan pada penelitiannya bahwa identifikasi gen

(FSHR|Alu-1) pada spesies sapi *Bos javanicus*, *Bos taurus*, dan *Bos indicus* menghasilkan fragmen dengan panjang 306 bp yang terletak pada ekson 10, dan menghasilkan dua jenis alel yaitu alel C dan alel G serta menghasilkan tiga jenis genotipe yaitu CC (243 dan 63 bp), CG (243, 293, 50, 63 bp), dan GG (193, 50, dan 63 bp). Frekuensi genotipe GG tertinggi pada spesies sapi *Bos javanicus* yaitu 1,00, *Bos indicus* sebesar 0,46 dan terendah pada spesies sapi *Bos taurus* yaitu 0,11. Frekuensi genotipe CC paling tinggi pada spesies sapi *Bos taurus* yaitu 0,57, *Bos indicus* sebesar 0,18, dan terendah pada spesies sapi *Bos javanicus*. Nilai heterozigositas H_o dan H_e paling tinggi pada spesies sapi *Bos indicus* sedangkan nilai terendah pada spesies sapi *Bos javanicus*.

Identifikasi keragaman nukleotida dapat dilakukan dengan teknik SNP atau sekuensing. SNP adalah variasi basa atau polimorfisme yang dihasilkan akibat proses replikasi yang dapat membedakan satu individu dengan individu lainnya (Sudoyo, 2004). Berdasarkan uraian diatas maka dilakukan penelitian dengan judul **“Identifikasi *Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR) Exon 10 Bagian Tengah Pada Sapi Pesisir*”**.

1.2 Rumusan Masalah

Apakah terdapat *Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor (FSHR) Exon 10 Bagian Tengah Pada Sapi Pesisir* menggunakan metode PCR dan teknik sequencing ?

1.3 Tujuan penelitian

Adapun tujuan dari penelitian ini adalah mengidentifikasi *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) *Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor* (FSHR) Exon 10 Bagian Tengah Pada Sapi Pesisir menggunakan metode PCR dan teknik sequencing.

1.4 Manfaat penelitian

Diharapkan penelitian ini dapat menjadi sebuah informasi dasar seleksi ternak sapi pesisir berdasarkan identifikasi *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) *Gen Follicle Stimulating Hormone Receptor* (FSHR) Exon 10 Bagian Tengah Pada Sapi Pesisir untuk meningkatkan reproduksi sapi pesisir.

1.5 Hipotesis penelitian.

Hipotesis dari penelitian ini adalah terdapat keragaman sekuen gen hormon reproduksi sapi pesisir menggunakan metode PCR dan sekuensing.



