1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Sapi lokal Indonesia memiliki potensi sumber daya genetika yang beragam dan belum dimanfaatkan secara baik. Hal ini didukung oleh pendapat Frankham *et al.* (2002) yang menyatakan bahwa Sumber daya genetik yang semakin beragam akan membuat populasi tersebut semakin tahan untuk hidup dalam jangka waktu yang lebih lama dan semakin tinggi daya adaptasi populasi terhadap perubahan lingkungan.

Banyak terdapat jenis bangsa sapi lokal yang tersebar di Indonesia. Salah satu jenis sapi lokal asli Indonesia adalah sapi Pesisir. Sapi Pesisir merupakan salah satu bangsa sapi lokal yang populasinya menyebar di Sumatera Barat dan sebagai plasma nutfah Indonesia dan komoditas unggulan spesifik wilayah Kabupaten Pesisir Selatan, Sumatera Barat. Dan melalui SK Menteri Pertanian No. 2908/Kpts/OT.140/6/2011 ternak ini (sapi Pesisir) telah ditetapkan sebagai salah satu rumpun sapi lokal Indonesia. Sapi ini yang berasal dari Kabupaten Pesisir Selatan merupakan sapi terkecil kedua di dunia setelah sapi dwarf west Afrika Shorthorn yang berasal dari Wilayah pantai Afrika Barat (Anwar, 2004).

Seleksi yang terjadi pada sapi Pesisir masih menjalani seleksi alami yang berjalan kearah negatif yaitu ada kecenderungan sapi yang dipertahankan adalah sapi yang bobot badannya lebih kecil, sedangkan sapi yang berbobot badan lebih besar dijual untuk mendapatkan harga yang lebih tinggi. Saat ini perbaikan genetik berpeluang untuk meningkatkan produktivitas dan kenaikan populasi ternak pada sapi Pesisir. Seiring dengan perkembangan teknologi molekuler, seleksi pada awal kehidupan dapat dilakukan dengan bantuan penanda DNA di dekat atau dalam gen-

gen yang berkaitan dengan sifat produksi tertentu. Dalam upaya pelestarian dan pemanfaatan sumber daya alam dan sumber daya genetik sapi lokal di Indonesia, digunakan teknologi molekuler genetika yang bertujuan untuk menemukan penanda dalam seleksi yang nantinya dapat membantu peningkatan genetik dan juga mutu sapi lokal Indonesia.

Menurut pendapat Grigorova et al. (2007) hormon glikoprotein yang disekresi oleh kelenjar hipofisa dan memiliki fungsi untuk mengontrol aktifitas reproduksi pada hewan mamalia ialah hormon FSH (Follicle Stimulating Hormone). FSH memeberikan efek stimulasi dengan mengikat reseptor FSH pada sel granulosa di ovarium dan memainkan peran dalam mengatur kesuburan pada ternak dengan nilai ekonomi tinggi. Oleh karena itu, gen FSH bias menjadi salah satu gen yang dipergunakan pada ternak sapi.

Pada ternak sapi gen FSH terletak pada kromosom 15. Menurut Ishak (2012) gen FSH terletak pada kromosom 15 dan mempunyai dua heterodimer, yaitu alfa (FSH-α) dan beta (FSH-β). Selain itu juga, konservasi gen pada gen FSH sangat tinggi yaitu tersiri dari tiga ekson yang mana 1 ekson non-coding dan 2 ekson translate serta 2 intron. Gen FSH-β memiliki panjang 3959 pasang basa (pb) dimana ekson 1 memiliki panjang 63 bp, bagian ekson 2 memiliki panjang 165 bp dan ekson 3 memiliki panjang 1523 bp (GenBank: NC_037342.1). Optimasi produksi yang dihasilkan masih terbatas dalam hal informasi dan juga teknologi terkait dengan pemanfaatan sumber daya genetik (gen FSH). Oleh sebab itu dilakukan penelitian ini dengan tujuan untuk mempelajari keragaman gen FSH yang terdapat pada sapi lokal (sapi Pesisir) sehingga dapat dijadikan salah satu acuan dalam pemanfaatan dan produktifitas maupun kelestarian plasma nutfah sapi lokal.

Becker et al. (2000) mengemukakan bahwa analisis pola restriction fragment dihasilkan ketika DNA dipotong oleh enzim polymerase. Contoh enzim polymerase salah satu diantaranya yaitu Enzim *Pst*1 dengan situs pemotongan ctgca|g.

Dai et al. (2009) melakukan penelitian mengenai keragaman gen FSH subunit beta terhadap fertilitas sapi jantan, hasil penelitian tersebut menemukan alel A, B, dan C dilaporkan bahwa runutan nukleotida pada ekson 3 yang diindikasikan terdapat keragaman. Dijelaskan pula bahwa keragaman gen FSH sub-unit beta pada sapi jantan (Limousin, Hereford, dan FH) berpengaruh pada volume, kualitas, dan motilitas semen cair maupun semen beku. Situs pemotongan enzim menggunakan enzim restriksi *Pst*I (ctgca|g).

Keragaman gen FSH pada sapi Pesisir ini salah satunya dapat dilakukan melalui teknik Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP). Analisis PCR-RFLP sering digunakan untuk mendeteksi lokasi genetik dalam kromosom yang dapat mendeteksi adanya keragaman gen yang berhubungan dengan sifat ekonomis seperti sifat pertumbuhan dan produksi.

Untuk mendapatkan data keragaman gen FSH sapi pesisir di BPTUHPT Padang Mengatas Kabupaten Lima Puluh Kota, perlu dilakukan penelitian "**Keragaman Gen *Follicle Simulating Hormone* (FSH |*Pst*1) Ekson-3 Bagian Awal Pada Sapi Pesisir Menggunakan Teknik PCR-RFLP"**. Keragaman yang ditemukan diharapkan dapat dijadikan sebagai informasi potensi sumberdaya genetik sapi pesisir.

1.2 Rumusan Masalah

Apakah terdapat Keragaman Gen *Follicle Simulating Hormone* (FSH |*Pst*1) Ekson-3 Bagian Awal Pada Sapi Pesisir Menggunakan Teknik PCR-RFLP.

1.3 Tujuan Penelitian

Untuk mengetahui Keragaman Gen *Follicle Simulating Hormone* (FSH |*Pst*1) Ekson-3 Bagian Awal Pada Sapi Pesisir Menggunakan Teknik PCR-RFLP.

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat sebagai salah satu informasi dasar dalam upaya seleksi dini dan juga sebagai acuan dasar bagi penelitian berikutnya.

1.5 Hipotesis Penelitian

Hipotesis dari penelitian ini adalah terdapat Keragaman Gen *Follicle Simulating Hormone* (FSH |*Pst*1) Ekson-3 Bagian Awal Pada Sapi Pesisir dengan menggunakan enzim restriksi *Pst*I.

UNIVERSITAS ANDALAS
UNTUK KEDJAJAAN BANGSA

UNIVERSITAS ANDALAS
UNTUK
KEDJAJAAN
BANGSA