

I. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Sapi Pesisir merupakan salah satu jenis bangsa sapi lokal yang banyak berkembang di daerah Pesisir Selatan Provinsi Sumatera Barat dan telah beradaptasi dengan baik dikondisi daerah Pesisir Selatan. Sapi Pesisir mempunyai potensi genetik yang baik karena mempunyai daya adaptasi tinggi, baik terhadap pakan yang berkualitas rendah, maupun terhadap perubahan suhu lingkungan (Yurnalis, 2013). Sehingga, Sapi Pesisir jarang sekali terserang penyakit, serta sapi ini memiliki temperamen yang jinak sehingga mudah untuk dipelihara.

Dengan bentuk dan ukurannya yang khas, Sapi Pesisir telah dimasukkan dalam salah satu sumberdaya genetik ternak lokal Indonesia (Utoyo, 2002). Sapi Pesisir memiliki nilai ekonomis yang cukup besar baik bagi masyarakat maupun pemerintah daerah Pesisir Selatan. Oleh sebab itu, perlu dilakukan upaya-upaya untuk memelihara keberadaan (konservasi) dan sekaligus meningkatkan produktivitasnya (Sarbaini dkk, 2007).

Seleksi yang terjadi pada Sapi Pesisir adalah seleksi yang berjalan kearah yang negatif yaitu ada kecenderungan sapi yang dipertahankan oleh peternak adalah sapi yang bobot badannya lebih kecil, sedangkan sapi yang bobot badannya lebih besar dijual untuk mendapatkan harga yang lebih tinggi. Hal ini terjadi karena tingginya permintaan terhadap Sapi Pesisir terutama menjelang Hari Raya Idul Adha. Perbaikan genetik berpeluang untuk memacu peningkatan produktivitas dan kenaikan populasi ternak Sapi Pesisir.

Namun demikian informasi mengenai Sapi Pesisir masih sangat terbatas, khususnya mengenai aspek biologis dan genetiknya (Yurnalis, 2013). Dalam hal ini keragaman genetika diperlukan dalam upaya pemuliaan ternak, karena dengan diketahuinya keragaman genetik ternak dimungkinkan untuk membentuk bangsa ternak baru melalui seleksi dan sistem perkawinan (Tixier dkk, 2009). Jika memungkinkan seleksi lebih baik dilakukan pada masa awal kehidupan ternak.

Apabila dengan metode konvensional, seleksi di awal ini sulit atau bahkan mustahil untuk dilakukan karena mereka belum memperlihatkan performa produktivitasnya. Seiring dengan perkembangan teknologi molekuler, seleksi pada awal kehidupan dapat dilakukan dengan bantuan penanda DNA di dekat atau di dalam gen-gen yang berkaitan dengan sifat produksi tertentu.

Rangsangan hormon pada prinsipnya adalah upaya menambahkan sejumlah hormon dari luar (exogenous hormone) yang berfungsi sebagai kontrol proses reproduksi. Sehingga, daur reproduksi dapat dipercepat atau dapat dilakukan di luar lingkungan alamiahnya. Hormon penting yang mengatur proses reproduksi diantaranya adalah *Follicle Stimulating Hormone* (FSH) dan *Luteinizing Hormone* (LH) yang disintesis di kelenjar hipofisis.

Rangsangan dari lingkungan direspons oleh kelenjar pituitari (Weltzien dkk, 2009), untuk mensintesis dan mensekresikan FSH dan LH (Cerda-Reverter dan Canosa, 2009), yang merangsang gonad memproduksi hormon-hormon steroid. Hormon ini berfungsi untuk mengatur kerja kelenjar gonad, FSH bertugas merangsang pertumbuhan follikel dan testis melalui proses spermatogenesis. Sebagaimana yang dijelaskan oleh Miura dan Miura (2011) dan Aroua dkk.

(2012) bahwa FSH menginisiasi gametogenesis dan vitelogenesis, sementara LH mengatur pematangan akhir, spermiasi dan ovulasi.

Follicle stimulating hormon (FSH) adalah hormon glikoprotein yang disekresi oleh kelenjar hipofisa dan berfungsi mengontrol aktivitas reproduksi pada mamalia (Grigorova dkk, 2007). FSH memberikan 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 bisa menjadi salah satu gen yang diperhitungkan pada ternak sapi (Utomo dkk, 2020). Pada jantan FSH dan testosteron merupakan hormon yang penting untuk mengatur fungsi sel-sel sertoli yaitu dibutuhkan untuk inisiasi, proliferasi, perkembangan sel sperma baik secara kuantitas maupun kualitas pada proses spermatogenesis (Heckert dan Griswold, 2002).

Gen FSH terletak pada kromosom 15 mempunyai 2 *heterodimer*, yaitu alfa (FSH- α) dan beta (FSH- β) disebut juga FSHB. Konservasi gen ini sangat tinggi, terdiri dari 3 *exon* dan 2 *intron*. Sekuen originalnya sepanjang 1547 bp dan sekuen lengkapnya pada sapi *Bos taurus* sepanjang 6601 bp terdapat di Gen Bank Nomor M83753 (Ishak, 2012).

Berdasarkan Gen FSH pada *Bos Taurus* (NCBI, 2021), *exon* 1 memiliki panjang 391 bp, bagian *intron* 1 memiliki panjang 417 bp, bagian *exon* 2 memiliki panjang 271 bp, bagian *intron* 2 memiliki panjang 1401 bp, bagian *exon* 3 awal memiliki panjang 850 bp dan bagian *exon* 3 akhir memiliki panjang 966 bp. DNA target yang diamplifikasikan pada penelitian ini yaitu Fragmen gen FSH yang berada pada daerah *exon* 3 akhir. Dari penelitian sebelumnya yang telah dilakukan oleh Dai et al. (2009) mengenai keragaman gen FSH sub-unit beta terhadap

fertilitas sapi jantan, dari hasil penelitian tersebut menemukan alel A, B dan C dilaporkan bahwa runutan nukleotida pada *exon 3* yang diidkasikan terdapat keragaman pada sapi Limousin, Hereford dan FH) berpengaruh pada volume, kualitas dan motilitas semen cair maupun semen beku. Situs pemotongan enzim menggunakan enzim restriksi *PstI*.

Beberapa penelitian telah dilakukan untuk mengetahui keragaman genetik menggunakan gen *Follicle Stimulating Hormone* (FSH) di daerah *exon 2* menggunakan enzim *TasI* pada Sapi Pesisir. Fitriyani (2020) melaporkan sebaran genotip gen FSH/*TasI exon 2* pada populasi Sapi Pesisir bersifat polimorfik (beragam) serta terdapat dua tipe genotip pada pemotongan gen FSH/*TasI exon 2* pada Sapi Pesisir yang mana terdapat homozigot tidak terpotong dan heterozigot. Ishak (2012) melaporkan genotip gen FSH sub-unit beta dilakukan dengan metode RFLP menggunakan enzim *PstI* dari 225 sampel Sapi Bali yang dianalisis menunjukkan hanya ditemukan satu tipe genotip yang mana terdapat fragmen yang tidak terpotong tervisualisasikan satu pita sepanjang fragmen amplifikasi.

Sedangkan pada Sapi Brahman, FH, Limosin dan Simental ditemukan tiga macam tipe genotip yang mana terdapat homozigot tidak terpotong, homozigot terpotong dan heterozigot. Jania (2021) melaporkan sebaran genotip gen FSH/*PstI exon 3* bagian awal pada Sapi Pesisir bersifat monomorfik (seragam). Ditemukan satu tipe genotip pada pemotongan gen FSH/*PstI exon 3* bagian awal pada Sapi Pesisir yaitu homozigot terpotong (+/+).

Seiring dengan berkembangnya teknologi dalam bidang genetika molekuler, keragaman gen pada lokus tertentu dapat dideteksi secara lebih cepat dan akurat. 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 tertentu. Analisis PCR-RFLP sering digunakan untuk mendeteksi lokasi genetik dalam kromosom yang menyandakan atau 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 karena dikombinasikan dengan *polymerase chain reaction* (PCR), memiliki beberapa keunggulan yaitu perbanyakan DNA secara cepat dan polimorfisme fragmennya dilakukan dengan enzim restriksi, sehingga mampu mengidentifikasi genotip secara jelas (Jakaria dkk, 2007).

Enzim restriksi yang digunakan dalam penelitian ini adalah enzim *AluI* yang mengenali situs pemotongan pada basa AG↓CT. Enzim *AluI* ini merupakan enzim restriksi tipe II. Ciri utama enzim *AluI* adalah setiap enzim mengenal urutan basa spesifik pada pita DNA yang akan dipotong (Fatchiyah dkk, 2011). Enzim restriksi akan memotong pita DNA menjadi serangkaian fragmen dalam kondisi konsentrasi garam, pH, dan suhu yang sesuai dengan karakter enzim. Jumlah dan ukuran fragmen tergantung pada konsentrasi dan letak situs restriksi enzim dalam DNA.

Berdasarkan uraian diatas, maka peneliti melakukan penelitian dengan judul **“Keragaman Gen Follicle Stimulating Hormone (FSH|AluI) Exon 3 Akhir pada Sapi Pesisir Menggunakan Metode PCR-RFLP”**.

1.2. Rumusan Masalah

Apakah terdapat Keragaman Gen *Follicle Stimulating Hormone* (FSH|AluI) Exon 3 Akhir Pada Sapi Pesisir Menggunakan Metode PCR-RFLP.

1.3. Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman gen *Follicle Stimulating Hormone* (FSH|AluI) exon 3 akhir pada Sapi Pesisir menggunakan metode PCR-RFLP.

1.4. Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi salah satu acuan untuk pelestarian dan pemanfaatan sumber daya genetik sapi lokal dan sebagai acuan dasar bagi penelitian lanjutan yang menghubungkan dengan performa reproduksi ternak, sehingga dapat membantu dalam proses seleksi dini.

1.5. Hipotesis Penelitian

Hipotesis penelitian ini adalah terdapat keragaman gen *Follicle Stimulating Hormone* (FSH|AluI) exon 3 akhir pada Sapi Pesisir dengan menggunakan metode PCR-RLFP.