

II. TINJAUAN PUSTAKA

A. Burung walet sarang putih

Burung walet sarang putih merupakan burung pemangsa serangga yang bersifat aerial dan suka meluncur. Sayapnya yang berbentuk sabit, sempit, dan runcing mendukung burung ini untuk terbang lebih cepat. Burung walet sarang putih termasuk burung yang tidak pernah hinggap di pohon. Kakinya yang pendek dan lemah menyebabkan burung ini tidak dapat bertengger di dahan atau batang pohon (Budiman, 2008). Burung walet sarang putih membuat sarang dari air liurnya yang berwarna putih. Burung walet sarang putih berukuran sedang (± 12 cm). Tubuh bagian atas berwarna coklat kehitaman-hitaman dan tungging abu-abu pucat atau coklat. Ekornya sedikit menggarpu dan tubuh bagian bawah coklat (MacKinnon, 1990)

Burung ini hampir hidup di seluruh dunia, kecuali daerah kutub, Selandia Baru, sebagian besar Australia, dan beberapa pulau ditengah-tengah samudra. Sebagian besar dari burung ini menetap di daerah tropis dan subtropis (Adiwibawa, 2000).

Burung walet sarang putih berkembang biak sepanjang tahun. Musim berbiak ditandai dengan banyaknya kawanan burung walet sarang putih yang saling berkejaran dan mengeluarkan nyanyian untuk menarik lawan jenisnya. Walaupun demikian, burung walet sarang putih memilih musim kawin dan berkembang biak menjelang musim hujan. Hal ini disebabkan populasi

serangga sebagai sumber makanan burung walet sarang putih sangat melimpah pada musim ini (Budiman, 2008).

Menurut Welty (1982) dan Chantler & Driessens (1995) dalam Mardiasuti dkk. (1998), posisi taksonomi burung walet sarang putih digolongkan sebagai berikut:

Kingdom : Animalia
 Phylum : Chordata
 Subphylum : Vertebrata
 Kelas : Aves
 Ordo : Apodiformes
 Familia : Apodidae
 Genus : *Collocalia*
 Spesies : *C. fuciphaga*.

Chantler & Driessens (1995) dalam Mardiasuti dkk. (1998) menyatakan bahwa terdapat sekurang-kurangnya 5 jenis ras burung walet sarang putih (*C. fuciphaga*), yang ditemukan di Indonesia, yaitu *C. fuciphaga fuchiphaga*, *C. fuciphaga perplexa*, *C. fuchiphaga dammermani*, *C. fuciphaga micans*, dan *C. fuciphaga vestita* (Tabel 1).

Tabel 1. Penyebaran geografis ras-ras *C. fuciphaga* di Indonesia

No	Ras	Penyebaran Geografis
1	<i>C. f. fuchiphaga</i>	Pulau Jawa, Pulau Kangean dan Pulau Belitung
2	<i>C. f. perplexa</i>	Kepulauan Maratua (Kalimantan Timur)
3	<i>C. f. dammermani</i>	Pulau Flores
4	<i>C. f. micans</i>	Pulau-pulau Sumba, Sawu dan Timor
5	<i>C. f. vestita</i>	Pulau Sumatra dan Kalimantan

(Sumber: Chantler & Draissens, 1995 dalam Mardiasuti dkk, 1998)

B. Pengertian dan Fungsi Mikrosatelit sebagai Marka Genetik

Acquaah (2004) berpendapat bahwa, terdapat dua marka pada umumnya: marka secara morfologi dan marka dalam kajian genetik/ molekuler. Marka dalam kajian morfologi menerangkan penampilan dari suatu organisme

merupakan bentuk dari interaksi gen dengan lingkungannya (fenotipe). Marka dalam kajian genetik/ molekuler mendeteksi pada tingkat subseluler dan dapat dijadikan bahan kajian sebelum suatu organisme mencapai tahap dewasa dalam siklus kehidupan. Menurut Avise (2004), marka genetik dapat menjadi solusi dalam kajian evolusi dan sejarah genetik suatu spesies atau populasi, yang tidak mampu dipecahkan menggunakan cara konvensional. Marka genetik memiliki potensi dalam menjawab permasalahan dalam ekologi yang sukar dijelaskan dengan cara lain (Beebe & Rowe, 2008).

Marka dalam kajian genetik/ molekuler dapat dikelompokkan menjadi dua (Acquaah, 2004), yaitu :

1. Locus tunggal, multi alel dan penanda pada bagian kodominan. Kelompok marka ini meliputi RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) dan mikrosatelit (*Short Sequence Repeat*). Mikrosatelit mampu mendeteksi tingkat dari polimorfisme yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan RFLP dan AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*).
2. Multi lokus, alel tunggal dan penanda pada bagian dominan. Kelompok marka ini meliputi AFLP dan RAPD (*Randomly Amplified Polymorphic DNA*), yang semakin jarang digunakan oleh peneliti saat ini dan beralih ke mikrosatelit.

Mikrosatelit merupakan pengulangan basa pendek (1 - 6 nukleotida) yang memiliki keragaman tinggi yang ditemukan pada genom nukleus dari hampir semua takson. Mikrosatelit dikenal juga sebagai *simple sequence repeats* (SSR), *variable number tandem repeats* (VNTRs), dan *short tandem*

repeats (STR) (Selkoe & Toonen, 2006). Mikrosatelit memiliki polimorfik yang sangat tinggi dibandingkan dengan penanda molekuler lainnya (RFLP, RAPD, dan AFLP), yang akan sangat berguna dalam menghitung heterozigositas dan homozigositas (Beebee & Rowe, 2008). Mikrosatelit membantu memahami kebiasaan mutasi, fungsi, evolusi serta distribusi dalam suatu genom spesies pada populasi (Li dkk, 2002).

Banyak penanda molekuler yang dapat digunakan untuk mempelajari ekologi molekuler, namun mikrosatelit lebih banyak digunakan dalam kajian ekologi molekuler oleh peneliti karena mikrosatelit dapat memberikan banyak informasi dibandingkan dengan penanda molekuler lainnya (RFLP, RAPD, dan AFLP) (Selkoe & Toonen, 2006). Gerber dkk (2000), dalam penelitiannya menunjukkan 159 AFLP lokus menunjukkan determinasi paternitas yang lemah jika dibandingkan dengan enam penanda mikrosatelit. Penanda mikrosatelit secara rutin digunakan untuk menyelidiki struktur genetik alami populasi. Pengetahuan tentang bagaimana variasi genetik dipartisi antarpopulasi mungkin memiliki implikasi penting, tidak hanya dalam biologi evolusioner dan ekologi, tetapi juga dalam biologi konservasi (Balloux & Moulin, 2002). Mikrosatelit menjadi begitu populer karena merupakan lokus tunggal, penanda kodominan yang dapat dengan efisien dikombinasikan dalam proses *genotyping* untuk membuktikan proses yang cepat dan murah (Selkoe & Toonen, 2006). Beberapa parameter yang sangat sering menggunakan mikrosatelit adalah ukuran populasi, tingkat migrasi dari *panmixia* dan perkiraan kekerabatan dari individu (Selkoe & Toonen, 2006).

C. Pengertian, Prinsip Kerja dan Aplikasi PCR

Wolfe (1993) mendefinisikan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) sebagai suatu proses pembentukan cetakan DNA secara berulang kali dengan menggunakan prosedur dan waktu tertentu. Davis dkk. (1994) menambahkan bahwa PCR menggunakan teknik amplifikasi secara spesifik pada suatu segmen DNA secara *in vitro* dengan menggunakan enzim DNA polimerase, cetakan (*template* DNA), genom DNA, dan primer oligonukleotida yang akan menempel pada segmen yang akan diamplifikasi.

Prinsip dasar teknik PCR memerlukan enzim DNA polimerase yang digunakan untuk membuat cetakan dari segmen DNA yang diinginkan. Menurut Wolfe (1993) proses PCR terdiri dari 3 tahapan, yaitu:

1. Denaturasi adalah proses penguraian materi genetik (DNA/RNA) dari bentuk heliksnya yang dipisahkan dengan suhu $90^{\circ}\text{C} - 96^{\circ}\text{C}$.
2. *Annealing* (penempelan) adalah suatu proses penempelan primer ke *template* DNA yang sekarang telah menjadi satu untai setelah terurai oleh suhu yang tinggi sebelumnya.
3. Polimerasi (sintesis) adalah suatu proses pemanjangan rantai DNA baru yang dimulai dari primer.

Powledge (2001) berpendapat aplikasi dari PCR yaitu mendeteksi penyakit yang dapat menginfeksi, variasi dan mutasi gen serta mengetahui hubungan kekerabatan antarspesies atau untuk mengetahui asal suatu spesies. Davis dkk. (1994) menambahkan bahwa DNA atau RNA yang telah dianalisis menggunakan teknik PCR digunakan untuk meneliti penerapannya dalam

bidang klinik dan obat-obatan forensik, mengembangkan teknik-teknik dalam bidang genetika dan untuk mendiagnosis.

D. Pengertian Genetika Populasi

Genetika populasi dapat diartikan sebagai pengukuran variabilitas dengan menjelaskan perubahan frekuensi alel untuk sifat tertentu dari waktu ke waktu. Analisis struktur populasi genetik berguna untuk mendapatkan wawasan tentang sejarah evolusi dari populasi terkait. Hal ini memberi pemahaman kemiripan genetik dan perbedaan antarpopulasi serta membantu mempelajari isolasi mereka (Shringarpure & Xing, 2010).

Genetika populasi mendeskripsikan frekuensi alel mengendalikan perubahan sifat dari waktu ke waktu. Perlu dilakukan analisis populasi untuk mempelajari perubahan frekuensi. Genetika populasi dan evolusi sering dipelajari bersama-sama, karena perubahan frekuensi gen berada di jantung evolusi dan spesiasi (McClean, 1997).

Konsep genetika populasi dicetuskan oleh Hardy-Weinberg dalam hukum Hardy-Weinberg. Hukum tersebut memprediksikan frekuensi gen yang akan ditransmisikan dari generasi ke generasi dengan serangkaian asumsi. Populasi besar yang melakukan kawin acak tak berhingga akan bebas dari penyebab evolusi dari luar (yaitu mutasi, migrasi dan seleksi alam), maka frekuensi gen tidak akan berubah dari waktu ke waktu dan frekuensi pada generasi berikutnya akan menjadi p^2 untuk genotipe AA, $2PQ$ untuk genotipe Aa dan q^2 untuk genotipe aa (McClean, 1997).

Beberapa parameter dalam menentukan variasi genetik pada suatu populasi adalah :

a. Keragaman genetik

Keragaman genetik (H) memiliki konsekuensi ekologis pada tingkat populasi, komunitas dan ekosistem, dan dalam beberapa kasus besarnya efek sebanding dengan efek dari keanekaragaman spesies serta menjadi faktor utama proses adaptasi dan bertahan hidup pada populasi alami dari perubahan lingkungan. Keragaman genetik yang kecil dapat menghambat kemampuan adaptasi dari populasi dalam jangka waktu yang panjang. Menurunnya keragaman genetik mampu menurunkan kemampuan adaptasi dalam populasi, termasuk tekanan untuk melakukan perkawinan sedarah (*inbreeding depression*) (Hughes, 2008; Reed & Frankham, 2003).

b. Kemelimpahan Alel dan Keragaman Alel

Kemelimpahan alel (*Allelic Richness*) merupakan jumlah alel dalam suatu lokus, sedangkan keragaman alel (*Allelic Diversity*) merupakan rerata dari kemelimpahan alel. Keragaman alel menggambarkan keragaman genetik pada suatu populasi (Frankham dkk., 2002). Menurut Allendorf (1986 dalam Allendorf & Luikart, 2007), kemelimpahan alel lebih sensitif terhadap hilangnya variasi genetik dan memperkirakan potensi evolusi dalam jangka panjang pada populasi.

c. Proporsi dari polimorfik

Nilai-P (*proportion of polymorphic*) dalam populasi digunakan untuk membandingkan jumlah variasi antara populasi dan spesies pada suatu lokus

(Allendorf & Luikart, 2007). Menurut Prakash (2008), salah satu cara paling sederhana untuk mengukur polimorfisme dalam populasi dengan menghitung proporsi lokus polimorfik (P), yaitu membagi jumlah lokus polimorfik dengan jumlah total lokus sampel. Proporsi lokus polimorfik (P) bergantung pada jumlah individu yang diteliti. Sebuah ukuran yang lebih tepat untuk menentukan variasi genetik dalam populasi adalah keanekaragaman gen.

d. *F – Statistic* dan AMOVA (*Analysis of Molecular Variance*)

Analisis *F – Statistic* diperoleh dengan menggunakan *software* FSTAT. Nilai F_{IS} menunjukkan besarnya perkawinan sedarah oleh individu yang terjadi pada suatu subpopulasi. F_{IT} menunjukkan tingkat keseluruhan dari perkawinan sedarah yang terjadi pada total populasi. F_{ST} menunjukkan derajat perkawinan sedarah pada subpopulasi dari total populasi dan umumnya sebagai perkiraan dari struktur populasi (Beebee & Rowe, 2008).

Nilai dari AMOVA sendiri didapatkan dari analisis menggunakan *Arlequin*. AMOVA dapat digunakan untuk memisahkan variasi ketika ada jarak genetik untuk menggambarkan perbedaan suatu alel dengan alel lainnya (Holsinger, 2010). Hasil dari AMOVA menunjukkan besarnya variasi antarindividu dengan individu lainnya, antarindividu dalam suatu populasi dan antarsubpopulasi, yang menjelaskan struktur suatu populasi dikaitkan dengan nilai F_{IS} , F_{IT} dan F_{ST} .

e. Nilai *Heterozigosity Observed* (H_0) dan *Expected* (H_e)

Nilai heterozogosititas diperoleh dari kesetimbangan Hardy – Weinberg. Menurut Frankham dkk. (2002) Kesetimbangan Hardy – Weinberg

menunjukkan *null hypothesis* yang dapat mendeteksi jika suatu populasi melakukan perkawinan tidak acak, migrasi dan seleksi alam.

Keragaman genetik pada lokus tunggal (mikrosatelit) terkarakterisasi oleh heterozigositas yang diharapkan (H_e), heterozogosititas yang diamati (H_0) dan keragaman alel. Heterozigositas yang diharapkan pada lokus tunggal menunjukkan keragaman genetik. Heterozigositas yang diamati merupakan jumlah dari heterozigositas pada sebuah lokus dibagi jumlah individu / sampel (Frankham dkk, 2002).