

# GENETIKA POPULASI *Collocalia fuchiphaga* DI RIAU MENGUNAKAN MIKROSATELIT

Hendra, Pramana Yuda, Felicia Zahida

Fakultas Teknobiologi, Universitas Atma Jaya Yogyakarta  
email: hendrachrissevand@gmail.com

## Abstract

The aim of this research were to find out about swiftlet genetic variation and population structure in RIAU which had many swiftlet farming house. Samples of *Collocalia fuchiphaga* were took from swiftlet farming house in Airmolek and Belilas. Three microsatellite primer (Aef 27, Aef 104 and Aef 133) were used in this research based on Aowphool (2008). Genetic diversity, Proportion of polymorphic, F-Statistic, Hardy –Weinberg Equilibrium ( $H_e$  and  $H_0$ ) and AMOVA were measured by FSTAT and Arlequin. The genetic diversity of *Collocalia fuchiphaga* population in RIAU was high and the variation between *Collocalia fuchiphaga* population in Airmolek and Belilas were still in low range, that indicates Airmolek and Belilas *Collocalia fuchiphaga* population were still in one population structure.

**Keywords:** *Collocalia fuchiphaga*, Microsatellite, FSTAT, Arlequin, Airmolek, Belilas, and Riau.

## Abstrak

Tujuan dari penelitian ini untuk menemukan variasi genetik dan struktur populasi pada burung walet di RIAU yang memiliki banyak rumah walet. Sampel dari *Collocalia fuchiphaga* diambil dari rumah walet yang berada di kota Airmolek dan Belilas. Tiga primer mikrosatelit (Aef 27, Aef 104 and Aef 133) yang digunakan dalam penelitian ini berdasarkan Aowphool (2008). Keragaman genetik, Proporsi polimorfisme, F –Statistik, Kesetimbangan Hardy –Weinberg ( $H_e$  dan  $H_0$ ) dan AMOVA dihitung menggunakan FSTAT dan Arlequin. Keragaman genetik populasi *Collocalia fuchiphaga* di RIAU termasuk tinggi dan variasi antara populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas termasuk rendah, hal ini mengindikasikan populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas masih dalam satu struktur populasi.

**Kata kunci:** *Collocalia fuchiphaga*, Mikrosatelit, FSTAT, Arlequin, Airmolek, Belilas, dan Riau.

## PENDAHULUAN

Burung walet telah banyak dimanfaatkan oleh manusia untuk diambil sarangnya sebagai obat dan bahan makanan (Adiwicaksana, 2006), sehingga banyak dibudidayakan dalam rumah walet. Kegiatan budidaya ini dapat mempengaruhi ekosistem karena burung walet termasuk spesies kunci pada habitat alaminya yaitu goa. Kemelimpahan populasi walet di habitat buatan kurang diimbangi dengan penelitian. Penelitian untuk kepentingan konservasi dan ekologi populasi selama ini lebih banyak dilakukan secara konvensional, dimana

metode tersebut kurang efektif untuk spesies yang memiliki jarak jelajah yang luas seperti burung walet (25–40 km) (Mardiastuti dkk., 1998).

Burung walet (*Collocalia fuchiphaga*) dengan mudah dijumpai hampir di seluruh pelosok Indonesia. Menurut Thomassen (2005), famili *Collocalini* dijumpai di setiap ketinggian permukaan bumi, dari dataran rendah sampai pegunungan. Sebagai sebuah kelompok, walet menempati daerah yang cukup berlimpah akan pakan mereka, meliputi hutan yang padat, lahan pertanian terbuka,

pegunungan tandus bahkan bangunan yang sengaja dijadikan sebagai tempat tinggal walet.

Beberapa penelitian mendapatkan penurunan jumlah populasi *Collocalia fuchiphaga* di habitat alaminya, seperti Kepulauan Andaman dan Nikobar di India serta Sabah dan Serawak di Malaysia (Lau & Melville, 1994; Chantler & Draissens, 2000; Sankaran, 2001). Walaupun demikian, jumlah total spesies *Collocalia fuchiphaga* mengalami peningkatan akibat kolonisasi pada rumah buatan manusia (rumah walet) (Sankaran, 2001).

Perkembangan jumlah rumah walet dari tahun ke tahun semakin meningkat. Perkembangan jumlah rumah walet dipengaruhi oleh perkembangan pengetahuan dan teknologi yang menyebabkan jumlah populasi walet semakin besar karena terhindar dari predator alaminya. Sankaran (2001) memperkirakan ada sekitar 5,5 juta pasang burung walet yang siap kawin di Indonesia.

Aowphool (2008) berpendapat bahwa migrasi burung walet dari gua ke rumah walet dalam jangka waktu yang panjang serta peningkatan jumlah populasi secara cepat akan mempengaruhi variasi genetik dan memiliki konsekuensi konservatif dari usaha budidaya walet. Jumlah populasi yang besar memungkinkan terbentuknya subpopulasi dan meningkatkan angka kompetisi. Dampak dari subpopulasi yang dikhawatirkan adanya *inbreeding* (perkawinan sedarah) yang menjadikan populasi lebih rentan terhadap kepunahan. Menurut Deskmukh (1992), kompetisi dapat mengakibatkan perubahan perilaku (adaptasi) yang memungkinkan terjadinya mutasi pada genotipe sehingga terjadi evolusi baik secara mikro maupun makro. Chantler & Driessens (1995) dalam Mardiasuti dkk. (1998) menyatakan bahwa

terdapat sekurang-kurangnya 5 jenis ras *Collocalia fuchiphaga*, yang ditemukan di Indonesia, yaitu *Collocalia fuchiphaga fuchiphaga*, *Collocalia fuchiphaga perplexa*, *Collocalia fuchiphaga dammermani*, *Collocalia fuchiphaga micans* dan *Collocalia fuchiphaga vestita* (Tabel 1).

Melalui analisis terhadap populasi *Collocalia fuchiphaga* secara genetik dapat diketahui dampak dari ledakan jumlah populasi serta migrasi *Collocalia fuchiphaga* dan kolonisasi *Collocalia fuchiphaga* pada rumah walet di kota Airmolek dan Belilas, Riau. Analisis secara genetik terhadap populasi *Collocalia fuchiphaga* memberikan informasi mengenai variasi genetik dan struktur populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau. Aowphool (2008) dalam penelitiannya *Genetic Homogeneity Among Colonies of the White-Nest Swiftlet in Thailand*, menemukan koloni-koloni walet yang berada di Thailand masih dalam satu populasi, serta keragaman genetik dari DNA mitokondria sangat rendah. Kemungkinan besar adanya *panmixia* (perkawinan secara acak) antara populasi yang tinggal pada habitat alami dan pada habitat buatan manusia (rumah walet) tetap tinggi.

Aowphool (2008) dalam penelitiannya menggunakan mikrosatelit sebagai marka genetik. DNA mikrosatelit merupakan pilihan yang tepat untuk memberi informasi genetik sehingga dapat dilakukan analisa struktur populasi. DNA mikrosatelit sendiri merupakan daerah yang memiliki polimorfisme yang sangat tinggi. Kita dapat mengetahui variasi dan struktur populasi suatu spesies dengan mengamplifikasi dan melakukan *screening* mikrosatelit untuk mengetahui apakah terjadi mikro evolusi yang mengarah ke spesiasi. Pendekatan molekuler menjadi solusi untuk konservasi dan ekologi yang tidak bisa terjawab dengan metode konvensional.

Tabel 1. Penyebaran geografis ras-ras walet *Collocalia fuchiphaga* 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)



## Analisis Hasil

Hasil elektroforesis yang divisualisasikan dengan *gel documentation* (Gel Logic 2000) kemudian panjang dari pita DNA yang terbentuk diukur dengan menggunakan *software* Kodak Molecular Imaging. Ukuran dari pita DNA yang diukur kemudian diolah dalam bentuk *microsoft Excel* dan diubah dengan menggunakan *software* CREATE 3.7 (Coombs dkk, 2011) ke format yang sesuai dengan *software* Arlequin

(Schneider & Excoffier, 2000) dan FSTAT (Goudet, 1995) untuk dianalisis.

Parameter yang digunakan untuk mengetahui genetika populasi kemudian dianalisis menggunakan *software* Arlequin dan Fstat. Nilai keragaman genetik dan juga *F-Statistic* diperoleh dari analisis *software* FSTAT. Nilai kelimpahan alel, keragaman alel, nilai - P (proportion of polymorphic), nilai  $H_0$  dan  $H_e$  diperoleh dari hasil analisis menggunakan *software* Arlequin

Tabel 2. Komponen Reaksi Master Mix Menggunakan *Type-it Multiplex PCR Master Mix*

Komponen	Volume	Konsentrasi Akhir
2X Type-it Multiplex PCR Master Mix	12,5 $\mu$ l	1X
10X primer mix, 2 $\mu$ M setiap primer	2,5 $\mu$ l	0,2 $\mu$ M
Q-solution, 5X *	2,5 $\mu$ l	0,5X
RNAse free water	Variabel	-
DNA template	Variabel	-
Total volume	25 $\mu$ l	

Keterangan: Tanda (\*) = *Optional*, ditambahkan jika melakukan multiplex PCR.

Tabel 3. Sekuens Primer Mikrosatelit *Collocalia fuchiphaga*

Lokus	Sekuens Primer	Motif Pengulangan	T <sub>m</sub> (°C)
Aef 27	<b>F:</b> FAM – CCA TTA CCT AAA TCC CCC TAC C <b>R:</b> CAG CTG GTG TGC TGA GAA AA	(GATA) <sub>16</sub>	60
Aef 104	<b>F:</b> HEX – GGA GAA TCT GGG AGA GCT GA <b>R:</b> GTG TCT TTC TGG TTC CAT CTT TAT GCA G	(TATC) <sub>11</sub> (TGCC) <sub>10</sub>	57
Aef 133	<b>F:</b> TET – GTA CAG TGC CTA CAA TGC TG <b>R:</b> AAT CCG GAT AAC ATC TCC TCT T	(TATC) <sub>17</sub>	60

Keterangan : F = Forward primer, R = Reverse Primer, FAM, HEX dan TET = *DNA probe* yang berpendar

Tabel 4. Siklus PCR *Type-it Multiplex PCR Master Mix*

Tahap	Waktu	Suhu
Tahap aktivasi	5 menit	95°C
Denaturasi	30 detik	95°C
Penempelan	90 detik	60°C
Pemanjangan	30 detik	72°C
Jumlah siklus	35 siklus	
<i>Final extension</i>	10 menit	68°C

Tabel 5. Spesifikasi *Ultrapure Agarose Gel* (Invitrogen) dengan Konsentrasi 1,5%

Spesifikasi	Keterangan
Gel Strength	1.800 g/cm <sup>2</sup>
Gel Point	36 <sup>o</sup> C
Melting Point	90 <sup>o</sup> C

## HASIL dan PEMBAHASAN

### Analisis Statistik Menggunakan Software Arlequin dan FSTAT

Hasil penelitian ini berupa pita DNA yang dianalisis dengan software Arlequin dan FSTAT. Hasil analisis menggunakan software tersebut dapat menggambarkan keragaman genetik, variasi genetik antar-subpopulasi, *inbreeding depression*, dan struktur populasi *C. fuciphaga* di Airmolek dan Belilas.

Berdasarkan Tabel 6, rerata dari keragaman genetik, rerata kemelimpahan alel (keragaman alel), nilai  $H_0$  dan  $H_e$  secara berurutan pada populasi Airmolek adalah 0,855; 7; 0,667 dan 0,846. Nilai koefisien perkawinan sedarah (Fis) yang didapat menunjukkan 22,1 % tingkat terjadinya perkawinan sedarah pada populasi Airmolek.

Berdasarkan Tabel 7, rerata dari keragaman genetik, rerata kemelimpahan alel (keragaman alel), nilai  $H_0$  dan  $H_e$  secara berurutan pada populasi Airmolek adalah 0,875; 7,667; 0,667 dan 0,862. Nilai koefisien

perkawinan sedarah (Fis) yang didapat menunjukkan 23,8 % tingkat terjadinya perkawinan sedarah pada populasi Airmolek.

Nilai  $H_0$  dan  $H_e$  dari populasi Airmolek dan Belilas tidak menunjukkan perbedaan yang signifikan. Rerata dari keragaman genetik pada populasi Airmolek dan Belilas tergolong tinggi, meski demikian nilai perkawinan sedarah pada populasi Airmolek dan juga Belilas cukup mengkhawatirkan, yaitu 22,1 % dan 23,8%.

Nilai rerata dari  $H_0$  pada populasi Airmolek dan Belilas adalah 0,667. Nilai  $H_0$  pada ketiga lokus yang digunakan masih lebih rendah jika dibandingkan dengan nilai  $H_0$  dari hasil penelitian Aowphool (2008) (Tabel 8), yaitu 0,861. Nilai rerata dari  $H_e$  pada populasi Airmolek adalah 0,846 dan populasi Belilas adalah 0,862. Nilai  $H_e$  pada ketiga lokus yang digunakan tidak berbeda jauh dengan hasil penelitian Aowphool dkk. (2008) (Tabel 8), yaitu 0,886.

Tabel 6. Nilai Kesetimbangan Hardy-Weinberg pada Populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek

Lokus	Rentang Alel	Keragaman Genetik	A	Fis	$H_0$	$H_e$	P
Aef 27	40	0,844	6	0,408	0,5	0,826	0,008
Aef 104	61	0,894	8	- 0,118	1,0	0,900	0,898
Aef 133	37	0,828	7	0,396	0,5	0,812	0,007
Rerata	46	0,855	7	0,221	0,667	0,846	-

Keterangan : A = Kemelimpahan Alel, Fis = koefisien perkawinan sedarah,  $H_0$  = Heterozigositas yang diamati;  $H_e$  = Heterozigositas yang diharapkan; P = nilai proporsi dari polimorfik.

Tabel 7. Nilai Kesetimbangan Hardy-Weinberg pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas.

Lokus	Rentang Alel	Keragaman Genetik	A	Fis	H <sub>0</sub>	H <sub>e</sub>	P
Aef 27	50	0,854	6	0,480	0,444	0,830	0,010
Aef 104	61	0,875	9	0,111	0,778	0,869	0,09
Aef 133	44	0,896	8	0,132	0,778	0,889	0,208
Rerata	51,667	0,875	7,667	(0,238)	0,667	0,862	0,102

Keterangan : A = Kemelimpahan Alel, Fis = koefisien perkawinan sedarah, H<sub>0</sub> = Heterozigositas yang diamati; H<sub>e</sub> = Heterozigositas yang diharapkan; P = nilai proporsi dari polimorfik.

Tabel 8. Nilai Kesetimbangan Herdy-Weinberg pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Thailand (Aowphool dkk., 2008)

Lokus	A	H <sub>0</sub>	H <sub>e</sub>
Aef 27	18	0,843	0,865
Aef 104	13	0,880	0,884
Aef 133	9	0,862	0,910
Rerata	13,33	0,861	0,886

Keterangan : A = Kemelimpahan Alel, H<sub>0</sub> = Heterozigositas yang diamati; H<sub>e</sub> = Heterozigositas yang diharapkan.

Nilai kemelimpahan alel pada lokus Aef 24 secara berurutan dari populasi Airmolek, Belilas, dan Thailand adalah 6, 6 dan 18. Nilai kemelimpahan alel pada lokus Aef 104 secara berurutan dari populasi Airmolek, Belilas, dan Thailand adalah 8, 9 dan 13. Nilai kemelimpahan alel pada lokus Aef 133 secara berurutan dari populasi Airmolek, Belilas, dan Thailand adalah 7, 8 dan 9. Nilai keragaman alel (rerata dari kemelimpahan alel pada setiap lokus) secara berurutan dari populasi Airmolek, Belilas, dan Thailand adalah 7; 7,667 dan 13,33. Nilai-P (*proportion of polymorphic*) tertinggi pada populasi Airmolek adalah 0,898 (Aef 104), sedangkan nilai-P tertinggi pada populasi Belilas adalah 0,208 (Aef 133).

Tabel 9 merupakan perhitungan pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau (Populasi Airmolek dan Belilas). Nilai keragaman genetik yang didapat dari lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133 secara berurutan adalah 0,844; 0,894; 0,828, dengan rerata keragaman genetik 0,855. Nilai

kemelimpahan alel pada populasi Riau berdasarkan lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133 secara berurutan adalah 8; 11; 9, dengan nilai keragaman alel (rerata dari kemelimpahan alel pada setiap lokus) adalah 9,333. Nilai H<sub>0</sub> yang didapat dari lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133 secara berurutan adalah 0,472; 0,889; 0,639, dengan rerata H<sub>0</sub> adalah 0,666. Nilai H<sub>e</sub> yang didapat dari lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133 secara berurutan adalah 0,828; 0,828; 0,850, dengan rerata H<sub>e</sub> adalah 0,835.

Perhitungan AMOVA dan *F-statistics* menggunakan *software* Arlequin. Berdasarkan Tabel 10. Besarnya variasi antara populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas sebesar 2,772%. Besarnya variasi individual dalam populasi *Collocalia fuchiphaga* Airmolek dan Belilas (populasi Riau) sebesar 22,268%, sedangkan besarnya variasi antar individual adalah 74,960%. Hasil perhitungan *F-statistics* berupa nilai FIS, FST dan FIT. Nilai FIS, FST dan FIT secara berurutan 0,229; 0,028 dan 0,250.

Tabel 9. Karakterisasi tiga lokus mikrosatelit pada *Collocalia fuchiphaga*.

Lokus	Kisaran ukuran (bp)	Keragaman Genetik	A	H <sub>0</sub>	H <sub>e</sub>
Aef 27	212 – 253	0,844	8.00	0,472	0,828
Aef 104	172 – 233	0,894	11.00	0,889	0,828
Aef 133	193 – 242	0,828	9.00	0,639	0,850
Rerata	172 – 253	0,855	9,333	0,666	0,835

Keterangan : A = Kemelimpahan Alel, Fis = koefisien perkawinan sedarah, H<sub>0</sub> = Heterozigositas yang diamati; H<sub>e</sub> = Heterozigositas yang diharapkan.

Tabel 10. Hasil AMOVA Berdasarkan Nilai Rerata pada Lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133

Variasi	Sum of squares	Variance Components	% Variasi
Diantara populasi	2,295	0,0369	2,772
Diantara individu dalam populasi	27,100	0,297	22,268
Dalam individu	19,00	1,00	74,960
Total	48.395	1,334	–

### Keragaman Genetik

Berkurangnya keragaman genetik dapat menunjukkan bahwa suatu spesies menuju kepunahan. Hasil dari analisis keragaman genetik menggunakan *Arlequin* pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek berkisar 0,855, populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas berkisar 0,875 dan populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau berkisar 0,855. Hasil tersebut menunjukkan populasi *Collocalia fuchiphaga* tumbuh sehat dan tidak terancam oleh kepunahan.

Hasil tersebut lebih tinggi dari beberapa populasi spesies yang terancam punah, seperti Populasi dari *Lanius ludovicianus mearnsi* di Pulau San Clemente menunjukkan rerata keragaman genetik sebesar 0,546 (Mundy dkk, 1997) dan populasi Penguin (*Spheniscus mendiculus*) di Galapagos menunjukkan rerata keragaman genetik sebesar 0,44 (Nims dkk., 2008). Keragaman genetik dari *Collocalia fuchiphaga* di Thailand sebesar 0,830, jika dibandingkan dengan keragaman genetik *Collocalia fuchiphaga* di Riau, keragaman genetik *Collocalia fuchiphaga* di Riau tidak memiliki nilai keragaman genetik yang jauh berbeda dengan di Thailand (Awphool, 2008). Hal tersebut menunjukkan populasi *Collocalia*

*fuchiphaga* di Riau termasuk besar. Populasi yang besar ini dapat disebabkan oleh migrasi dan juga akibat *founder effect*. Populasi yang awalnya berjumlah kecil bermigrasi ke habitat baru (rumah walet), yang mana rumah walet menjadi habitat yang aman bagi *Collocalia fuchiphaga*, sehingga menyebabkan populasi *Collocalia fuchiphaga* meningkat drastis dan menginvasi habitat baru tersebut dengan unsur kesengajaan manusia. Akibat dari populasi yang berlebih ini dapat berdampak secara ekologis yang selanjutnya akan dibahas pada subbab 4.

### Keragaman alel dan kemelimpahan alel

Keragaman alel dari populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau berkisar 9,333 dengan masing - masing dari nilai kemelimpahan alel untuk lokus Aef 27, Aef 104 dan Aef 133 adalah 8, 11 dan 9. Keragaman alel dari populasi *Collocalia fuchiphaga* di Thailand berkisar 13,667 dengan masing – masing dari nilai kemelimpahan alel untuk lokus Aef 27, Aef 104, dan Aef 133 adalah 18, 13 dan 10 (Aowphool dkk., 2008). Perbedaan

keragaman alel dan kelimpahan alel dari populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau dengan di Thailand disebabkan perbedaan jumlah sampel, yaitu sampel di Riau berjumlah 19 sampel sedangkan sampel di Thailand berjumlah 160 sampel. Hasil keragaman alel dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau cenderung tinggi meski dengan jumlah sampel 19 ekor.

Keragaman alel dari spesies yang terancam punah dapat dilihat dari penelitian Nims dkk. (2008) dan Mundy dkk. (1997). Keragaman alel dari populasi penguin (*Spheniscus mendiculus*) di Galapagos berkisar 3 dengan total kelimpahan alel adalah 15 sedangkan keragaman alel dari *Lanius ludovicianus mearnsi* di San Clemente berkisar 6,43 dengan total kelimpahan alel adalah 45. Nilai keragaman alel dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau lebih tinggi dibandingkan dengan keragaman alel spesies yang terancam punah, hal ini menunjukkan populasi dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau tidak mengalami ancaman kepunahan.

### Proporsi Polimorfik

Nilai dari proporsi polimorfisme tertinggi pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek terletak pada lokus Aef 104, yaitu 0,898 (Tabel 6). Hasil tersebut menunjukkan variasi terbesar pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek terdapat pada lokus Aef 104. Nilai dari proporsi polimorfisme lokus Aef 104 pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek lebih tinggi dibandingkan dengan nilai dari proporsi polimorfisme lokus Aef 104 pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas, yaitu berkisar 0,09.

Nilai dari proporsi polimorfisme tertinggi pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas terletak pada lokus Aef 133, yaitu 0,208. Hasil tersebut menunjukkan variasi terbesar pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas terdapat pada lokus Aef 133. Nilai dari proporsi polimorfisme lokus Aef 133 pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Belilas lebih tinggi dibandingkan dengan nilai dari proporsi polimorfisme lokus Aef 133 pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek, yaitu berkisar 0,007.

Busch dkk. (2000) dalam penelitiannya

terhadap spesies Southwestern Willow Flycatcher (*Empidonax traillii extimus*) di 5 negara bagian (Arizona, California, Colorado, New Mexico, and Nevada) di Amerika dengan 20 lokasi pengambilan sampel mendapatkan rerata dari nilai proporsi polimorfisme sebesar 0,775, nilai tersebut menunjukkan polimorfisme yang tinggi. Nilai proporsi polimorfisme terbesar didapatkan di daerah *Cook's Lake and Cook' Seep* dan *San Pedro River*, yaitu sebesar 0,895. Nilai proporsi polimorfisme terkecil didapatkan di daerah *San Fransisco River*, yaitu sebesar 0,526.

Berbeda dengan Busch dkk. (2000), Suchentrunk dkk. (1999) dalam penelitian *Gene pool variability of a golden eagle (Aquila chrysaetos) population from the Swiss Alps*, mendapatkan nilai proporsi polimorfisme sebesar 0,108. Nilai tersebut menunjukkan polimorfisme yang kecil. Vapa dkk. (2004) dalam penelitiannya yang berjudul *Genetic Variability Of Pheasant (Phasianus Spp.) In Breeding Station Ristovaca* mendapatkan hasil dari nilai proporsi polimorfisme sebesar 0,250.

Nilai proporsi polimorfisme dari *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas memiliki nilai proporsi polimorfisme yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan hasil penelitian Suchentrunk dkk. (1999) dan lebih rendah jika dibandingkan dengan nilai proporsi polimorfisme dari hasil penelitian Busch dkk. (2000). Nilai proporsi polimorfisme dari *Collocalia fuchiphaga* di Belilas memiliki nilai proporsi polimorfisme lebih rendah jika dibandingkan dengan hasil penelitian Vapa dkk. (2004) dan Nilai proporsi polimorfisme dari *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek memiliki nilai proporsi polimorfisme yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan hasil penelitian Vapa dkk. (2004).

### F- Statistic dan AMOVA

Hasil perhitungan *F-statistics* berupa nilai  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  dan  $F_{IT}$ . Nilai  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  dan  $F_{IT}$  secara berurutan 0,229, 0,028 dan 0,250. Nilai  $F_{IS}$  tersebut menunjukkan besarnya perkawinan sedarah oleh individu yang terjadi pada suatu subpopulasi sebesar 22,9%. Nilai  $F_{IT}$  tersebut menunjukkan tingkat keseluruhan



dari perkawinan sedarah yang terjadi pada total populasi berkisar 25%. Nilai  $F_{ST}$  tersebut menunjukkan derajat perkawinan sedarah pada subpopulasi dari total populasi sebesar 2,8%. Berdasarkan nilai  $F_{ST}$  tersebut dapat diketahui bahwa belum terjadi spesiasi antara populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas, namun berdasarkan nilai dari  $F_{IS}$ , tingkat perkawinan sedarah yang terjadi pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas cukup mengkhawatirkan.

Vapa dkk., (2004), dalam penelitiannya terhadap *Phasianus spp* mendapati nilai  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  dan  $F_{ST}$  berturut - turut adalah - 0,135, - 0,097 dan 0,034. Terjadinya *inbreeding* ditunjukkan oleh nilai dari  $F_{IS} = - 13,5 \%$  dan  $F_{IT} = - 9,7 \%$ , jika dibandingkan dengan nilai dari  $F_{IS}$  dan  $F_{IT}$  pada *Collocalia fuchiphaga* di Riau, maka dapat dikatakan bahwa populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau juga mengalami *inbreeding depression*. Nilai  $F_{ST}$  pada populasi *Collocalia fuchiphaga* di Riau lebih kecil jika dibandingkan dengan nilai  $F_{ST}$  *Phasianus spp* (Vapa dkk, 2004), yaitu 2,8 % dengan 3,4 %, hasil ini menunjukkan keragaman genetik populasi yang rendah.

Variasi molekuler antara populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas sebesar 2,772%. Variasi individu dalam populasi *Collocalia fuchiphaga* Airmolek dan Belilas (populasi Riau) sebesar 22,268%, sedangkan besarnya variasi antar individu adalah 74,960%. Variasi antara populasi *Collocalia fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas yang kecil menunjukkan populasi *Collocalia fuchiphaga* memiliki jarak genetik yang dekat dan masih dalam satu populasi (belum terpisah menjadi subpopulasi). Hasil ini didukung nilai  $F_{ST}$  sebesar 2,8% yang menunjukkan struktur populasi spesies *Collocalia fuchiphaga* (Beebee & Rowe, 2008).

### Heterozigositas yang diharapkan ( $H_e$ ) dan diamati ( $H_0$ )

Nilai  $H_e$  sering diidentikkan dengan keragaman genetik (Nei, 1973 ) dan  $H_0$  sering dianggap tidak terlalu penting jika dijadikan pembanding dari keragaman karena terpengaruh oleh *inbreeding* dan proses evolusi lainnya (Berg & Hammrick, 1997), meski demikian  $H_e$  dan  $H_0$  dapat memberikan

gambaran mengenai suatu populasi dengan membandingkan dengan populasi lainnya.

Nilai  $H_e$  dan  $H_0$  dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau adalah 0,835 dan 0,666. Bandingkan dengan nilai  $H_e$  dan  $H_0$  dari *Collocalia fuchiphaga* di Thailand adalah 0,853 dan 0,840. Nilai  $H_e$  *Collocalia fuchiphaga* di Riau tidak jauh berbeda dengan nilai  $H_e$  *Collocalia fuchiphaga* di Thailand, yaitu sekitar - 0,018, berbeda dengan nilai  $H_e$ , terdapat perbedaan jauh antara nilai  $H_0$  dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau dengan di Thailand, yaitu - 0,174. Jumlah sampel yang berbeda serta luasan daerah sampling menjadi salah satu faktor kunci dalam hal ini, namun rendahnya nilai  $H_0$  dari *Collocalia fuchiphaga* di Riau itu sendiri menjelaskan adanya *inbreeding depression* yang dapat dijelaskan oleh nilai dari  $F_{IS}$  dan  $F_{IT}$ , yaitu sebesar 22,9% dan 25%.

## KESIMPULAN DAN SARAN

### Simpulan

Nilai keragaman genetik populasi *C. fuchiphaga* di Airmolek sebesar 0,855, Nilai keragaman genetik populasi *C. fuchiphaga* di Belilas sebesar 0,875. Nilai keragaman genetik populasi *C. fuchiphaga* di Riau sebesar 0,855.

Hasil perhitungan Amova menunjukkan variasi genetik diantara populasi *C. fuchiphaga* di Airmolek dengan di Belilas sangat kecil, yaitu 2,772 %. Variasi antar individu dalam suatu populasi cukup tinggi, yaitu 22,268 %. Variasi dalam setiap individunya dapat dikatakan tinggi, yaitu 74,960 %.

Populasi *C. fuchiphaga* di Airmolek dan Belilas masih dalam satu populasi dan belum terjadi isolasi yang mengarah kepada spesiasi antara dua populasi tersebut ( $F_{ST} = 2,8\%$ ).

## DAFTAR PUSTAKA

Adiwicaksana. 2006. Pengelolaan Sarang Burung Walet Di Taman Nasional Betung Kerihun Propinsi Kalimantan Barat. *Skripsi*. Fakultas Kehutanan Institut Pertanian Bogor. Bogor.

- Aowphool, A., Voris, H. K., Feldheim, K. A., Harnyuttanakorn, P. & Thairakupt, K., 2008. Genetic Homogeneity Among Colonies of The White-Nest Swiftlet (*Aerodramus fuciphagus*) in Thailand. *Zoological Science*. 25:372-380.
- Beebe, T. J. C. & Rowe, G., 2008. *An Introduction to Molecular Ecology*. Oxford University Press. New York.
- Berg, E. E. & Hamrick, J.L., 1997. Quantification of Genetic Diversity at Allozyme Loci. *Conservation Journal for Rescue*. 27 : 415 – 424.
- Chantler, P., & Driessens, G., 2000. Swifts: A Guide to The Swifts and Treeswifts of The World. 2nd ed. Pica Press. East Sussex.
- Goudet, J., 1995. FSTAT: Program Komputer untuk Menghitung Nilai  $F_{ST}$ . *Journal Heredity*. 86:485-486.
- Lau, A. S. M. & Melville, D. S., 1994. International Trade in Swiftlet Nests with Special Reference to Hong Kong. *Traffic International*. Cambridge.
- MacKinnon, J., Hatta, K. G., Halin, H. & Mangalik, A., 1996. *The Ecology of Kalimantan*. Periplus. Singapore.
- Mardiastuti, A., Mulyani, Y. A., Sugarjito, J., Ginoga, L. N., Maryanto, I., Nugraha, A., dan Ismail, 1998. *Teknik Pengusahaan Walet Rumah, Pemanenan Sarang dan Penanganan Pasca Panen*. Kantor Menteri Negara Riset dan Teknologi. Dewan Riset Nasional.
- Nei, M., 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 70: 3321-3323.
- Prawiradilaga, D., 1990. Potensi Burung dalam Pengendalian Serangga Hama. *Media Konservasi*. 3(1) : 1 – 7.
- Suchentrunk, F., Haller, H., & Ratti, P., 1999. Gene Pool Variability of a Golden Eagle (*Aquila chrysaetos*) Population from The Swiss Alps. *Biological Conservation*. 90: 151—155.
- Sankaran, R., 2001. The Status and Conservation of The Edible Swiftlet (*Collocalia fuciphaga*) in The Andaman and Nicobar Islands. *Biology Conservation*. 97:283-294.
- Schneider, S., Roessli, D., & Excoffier, L., 2000. *Arlequin: A Software for Population Genetic Data Analysis*. Genetics and Biometry Laboratory. University of Geneva. Geneva. Switzerland.
- Thomassen, H., 2006. Swift as Sound Design and Evolution of The Echolocation System in Swiftlets (Apodidae: *Collocalini*). *Thesis*. Leiden University.
- Vapa, L. B., Mihalja, R. D., Dragana R. O., Biljana M. T. M., Milan M. V. & Milos T. B., 2004. Genetic Variability of Pheasant (*Phasianus* spp.) Inbreeding Station Ristovaca. *Proceeding National Science*. 107 : 5 -11.