

Struktur Genetik Populasi Burung Betet Jawa (*Psittacula alexandri alexandri*) Berdasarkan Sekuen DNA Mitokondria Gen ND2 (The Genetic Structure Populations of the Javan Parakeet Bird (*Psittacula alexandri alexandri*) Based on Mitochondrial DNA ND2 Gene Sequences)

Dwi Astuti

Bidang Zoologi, Pusat Penelitian Biologi-LIPI. Gd.Widyasatwaloka, CSC, Jl. Raya Jakarta-Bogor KM 46, Cibinong, Jawa Barat. Email: asdwi2016@gmail.com

Memasukkan: Oktober 2016, **Diterima:** Desember 2016

ABSTRACT

This study was aimed to determine the structure and genetic characteristics of the Javan Parakeets (*Psittacula alexandri alexandri*) in some populations in Java Island based on ND2 gene sequences. This study used 26 birds composed of 9 birds from Bogor (West Java), 8 birds from Cepu/Blora (Central Java), 5 birds from Yogyakarta (DIY), and 4 birds from Ngawi (East Java). Blood samples were taken from each bird and DNA was extracted, and then a single fragment of ND2 gene was PCR amplified. A total of 1020-bp of DNA sequence of all individual birds were analyzed and produced low genetic distance between bird populations: 0.0031 ± 0.0010 (0.0024 ± 0.0012 to 0.0058 ± 0.0022). The highest genetic distances among individual bird were found in the Yogya's population followed and were lowest in Cepu/Blora's population. There were 16 haplotype sequences (Hpa Hpa1-16) found in 26 birds. There were some identical haplotypes in each population, but each population has different haplotypes from each other. The highest haplotype diversity and nucleotide diversity were found in Yogya's and Bogor populations. NJ tree showed that each individual bird clustered together corresponded to the population/progeny.

Keywords: Javan Parakeets, *Psittacula alexandri alexandri*, population, ND2 gene sequence genetic distance, diversity

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui struktur dan karakter genetik burung betet Jawa pada beberapa populasinya di Pulau Jawa berdasarkan analisis sekuen DNA gen ND2. Digunakan 26 burung betet yang terdiri dari 9 individu dari Bogor (Jawa Barat), 8 individu dari Cepu/Blora (Jawa Tengah), 5 individu dari Jogja (DIY), dan 4 individu dari Ngawi (Jawa Timur). Sampel darah diambil dari masing-masing burung dan diekstrak DNANYA, kemudian fragmen tunggal gen ND2 diamplifikasi dengan PCR. Data sekuen DNA 1020-pb dari semua individu burung yang dianalisis menghasilkan jarak genetik yang rendah di antara populasi burung yaitu $0,0031 \pm 0,0010$ ($0,0024 \pm 0,0012 - 0,0058 \pm 0,0022$). Jarak genetik tertinggi di antara individu ditemukan pada populasi Jogja dan terendah pada populasi Cepu/Blora. Enam belas (16) haplotipe sekuen DNA (Hpa1-Hpa16) ditemukan di dalam 26 burung betet yang diteliti. Haplotipe yang identik ditemukan pada masing-masing populasi, tetapi masing-masing populasi memiliki haplotipe yang berbeda dengan populasi lainnya. Diversitas haplotipe dan diversitas nukleotida tertinggi terdapat populasi Yogya dan populasi Bogor. Diversitas nukleotida tertinggi ada pada populasi Bogor. Pohon NJ memperlihatkan masing-masing individu burung mengelompok sesuai populasinya.

Kata Kunci: Burung betet Jawa (*Psittacula alexandri alexandri*), populasi, sekuen DNA gen ND2, jarak genetik, diversitas

PENDAHULUAN

Kelompok burung paruh bengkok (*Psittaciformes*) merupakan burung yang banyak diminati dan menjadi komoditi perdagangan dalam dan luar negeri. Oleh karena itu perburuan di alam yang tak terkontrol dan kerusakan habitatnya serta sifat endemisme menjadi penyebab penurunan populasinya. Sehingga burung paruh bengkok masuk dalam *CITES appendix*. Salah satunya marga *Psittacula* yang masuk dalam *CITES appendix II* dan

masuk di dalam daftar spesies-spesies prioritas nasional Permenhut Nomor P 57 Tahun 2008.

Burung betet jawa (*Psittacula alexandri alexandri*) adalah burung yang termasuk di dalam marga *Psittacula* yang dijumpai di Pulau Jawa (Forshaw 1989; Juniper & Parr 1998). Burung ini tersebar di beberapa populasi. Perbedaan lokasi burung menyebabkan burung-burung ini membentuk populasi yang terpisah-pisah dan terfragmentasi, sehingga tidak saling kontak antara populasi satu dengan populasi lainnya. Ini sangat memungkinkan

terjadinya variasi di antara populasi-populasi tersebut pada urutan DNA, fragmen-fragmen DNA, atau gen-gen tertentu, sehingga masing-masing populasi sangat mungkin memiliki struktur berbeda pada tingkat genetik. Pemahaman yang komprehensif tentang diversitas genetik dan struktur populasi adalah esensial untuk konservasi spesies, yang merefleksikan status dan potensi survival dari populasi-populasi (Pillon *et al.* 2007).

Habitat yang terfragmentasi menyebabkan terputusnya atau terisolasinya populasi (Janec'ka *et al.* 2008) yang dapat mengarah pada menurunnya keragaman genetik, tekanan inbreeding, dan menurunkan ketahanan terhadap penyakit (Slate *et al.* 2000; U'jva'ri *et al.* 2002; Liberg *et al.* 2005). Semua faktor itu dapat menyebabkan resiko kepunahan (Bijlsma *et al.* 2000). Menurunnya keragaman genetik akibat habitat yang terfragmentasi (Dixo *et al.* 2009) disertai rendahnya penyebarannya (Schtickzelle *et al.* 2006) dapat juga menurunkan kemampuan populasi hewan terhadap perubahan cuaca (Bijlsma *et al.* 2000). Oleh karena itu, mengetahui tentang bagaimana keragaman genetik dari populasi di seluruh lanskap terfragmentasi, dan sejauh mana diferensiasi genetik, serta konektivitas dan ukuran efektif populasi adalah kunci untuk merumuskan strategi konservasi untuk mempertahankan keragaman genetik dan mempromosikan potensi evolusi spesies terancam (Silva *et al.* 2006; Peery *et al.* 2012). Penurunan ukuran populasi dapat mengarah pada hilangnya alel-alel juga meningkatkan inbreeding (Eldridge *et al.* 2004) yang selanjutnya menurunkan diversitas genetiknya (Vergeer *et al.* 2003).

DNA Mitokondria sudah diketahui memiliki variasi yang tinggi dan sangat akurat dalam mengkaji genetika populasi dan tingkat variasi individu maupun populasi (Avisé 2000) vertebrata, termasuk burung. DNA mitokondria tersusun diantara oleh gen-gen penyandi protein yang salah satunya adalah gen ND2 (Boore 1999; Clayton 2000). ND2 banyak digunakan pada penelitian-penelitian sebelumnya misalnya Nitta & Gradi (2008) dan untuk mengetahui keragaman genetik baik pada tingkat individual, populasi, maupun jenis satwa. Oleh karena itu, penelitian ini ditujukan untuk mengetahui seberapa besar variasi dan diversitas DNA mitokondria ND2 burung betet *P. a. alexandri* pada 4 populasi (Yogya, Bogor/Jonggol, Cepu/Blora, dan Ngawi) di Pulau Jawa.

BAHAN DAN CARA KERJA

Penelitian ini menggunakan sampel material genetik berupa darah yang diambil dari 26 individu burung betet (*P. a. alexandri*) hidup dari 4 populasi di P. Jawa yaitu Bogor-Jabar (9 sampel), Cepu/Blora-Jateng (8 sampel), Jogja-DIY (5 sampel), dan Ngawi-Jatim (4 sampel). Darah disimpan dalam tabung eppendorf dan dipreservasi di dalam ethanol absolut, kemudian disimpan pada suhu 4 C di refrigerator. DNA total (inti dan mitokondria) diekstrak dari masing-masing sampel darah menggunakan Qiagen DNA Kit sesuai protokol yang tersedia. Fragmen DNA diseparasi pada elektroforesis dan kemudian divisualisasi pada foto UV.

Amplifikasi gen target ND2 dilakukan dalam proses PCR menggunakan sepasang oligonukleotida primer pada kondisi PCR mengikuti (Sorensen 1999). Target fragmen ND2 kemudian disekuensekuen dan semua data sekuen DNA dianalisis lebih lanjut menggunakan perangkat lunak ProSeq untuk proses alignment dan DnaSP untuk mengetahui karakter dan parameter diversitas pada masing-masing individu maupun populasi burung betet. MEGA5 (Tamura *et al.* 2011) digunakan untuk menghitung jarak genetik dan mengkonstruksi pohon filogeni.

HASIL

Fragmen target gen ND2 yang berhasil di-amplifikasi sepanjang 1200-pb. Namun, data sekuen yang dianalisis di sini hanya 1020-pb. Terdapat 340 codon pengkode 20 asam amino (Tabel 1), dimana lisin (L=Lys) adalah yang terbanyak (65) dan Asam aspartik (D=Asp) paling sedikit (1). Sekuen DNA dari ND2 ini disusun oleh basa-basa nukleotida timin (T) = 23,1%, sitosin (C) = 35,6%, adenin (A) = 33,2%, dan guanin (G) = 8,2%. Sitosin (C) memiliki komposisi tertinggi dan guanin (G) terendah.

Total data sekuen DNA sepanjang 1020-pb memiliki 3 substitusi basa transisi (1 TC dan 2 CT) dan tidak terdapat tranversi (0). Substitusi basa transisi paling banyak terjadi pada posisi codon ketiga dan diikuti codon kedua. Rasio transisi/transversinya relatif tinggi dan tertinggi pada posisi codon ketiga (16,16) diikuti codon kedua (10,88) dan kesatu (6,46).

Rata-rata jarak genetik antara individu-individu di dalam populasi betet yang sama, relatif kecil yaitu

0,0009 ± 0.0006 (Cepu/Blora) hingga 0,0018 ± 0.0009 (Jogya-DIY). Sekuen divergennya kurang dari 1 % (0,15 % - 0,18 %).

Jarak genetik antara populasi betet yang satu dengan lainnya juga relatif kecil 0,0024 ± 0,0012 (Bogor vs Cepu/Blora) hingga 0,0058 ± 0,0022 (Cepu vs Jogya). Jogya vs Ngawi jarak genetiknya 0,0027 ± 0,0013 (Tabel 2).

Dua puluh enam (26) individu dari 4 populasi betet yang dianalisis di sini, memiliki 16 haplotipe nukleotida dan beberapa haplotipe yang sama dimiliki oleh beberapa individu betet. Haplotipe Hpa-1 dimiliki oleh 3 individu (1,2,dan 8), Hpa-2 dimiliki oleh 2 individu (3 dan 5), Hpa-7 dimiliki oleh 2 individu (10 dan 16), Hpa-12 oleh 2 individu (19 dan 21), dan Hpa-16 dimiliki oleh 3 individu (24, 25, dan 26) (Tabel 3). Haplotipe selain yang disebutkan di atas itu dimiliki hanya oleh satu individu betet. Haplotipe yang dominan adalah Hpa-7 dan Hpa-8 yang masing-masing dimiliki oleh 4 individu.

Basa nukleotida sepanjang 1020-pb yang menyusun DNA gen ND2 pada 26 individu yang dibandingkan di sini, memiliki 18 situs basa yang bervariasi yang dimulai pada basa ke-18 dan diakhiri pada situs basa ke-994 (Tabel 3). Jika dianalisis dilakukan secara terpisah, maka masing-masing populasi memiliki jumlah situs variasi yang berbeda yaitu 5 situs (Bogor-Jabar), 3 situs (Cepu/Blora-Jateng), 4 situs (Jogya), dan 2 situs (Ngawi-Jatim) (Tabel 3). Populasi Jogya memiliki situs yang spesifik yaitu pada situs ke-981 basa T sementara pada populasi lainnya adalah C. Substitusi basa purin dari C

(sitosin) ke T (timine) pada populasi Jogya.

Populasi Bogor (Jabar) memiliki 6 haplotipe dari 9 individu betet, yang mana 5 (3 +2) individu identik dan 4 individu masing-masing memiliki haplotipe nukleotida yang berbeda dengan lainnya. Populasi Cepu/Blora (Jateng) memiliki 4 haplotipe (Hpa-7- Hpa-10) dari 8 individu, ada 6 (2 + 4) individu yang memiliki sekuen DNA yang identik. Pada populasi Jogya terdapat 4 haplotipe (Hpa-11- Hpa-14) dari 6 individu dimana 2 individu identik dan lainnya berbeda haplotipe. Populasi Ngawi (Jatim) terdapat 2 haplotipe (Hpa-15 dan Hpa16) dari 4 individu dimana 3 individu identik dan satuindividu lainnya berbeda haplotipenya.

Diversitas haplotipe (Hd) jika semua populasi dianalisis bersama adalah 0,954±0.022. Nilai diversitas haplotipe terendah (0,500±0,265) terjadi di populasi Ngawi-Jatim dan tertinggi di Jogya (0,900±0,1610) dan Bogor (0,889±0,091). Sedangkan diversitas nukleotida (Pi) tertinggi terjadi pada populasi Bogor-Jabar (0,0038±0,0011). Ngawi dan Cepu/Blora memiliki diversitas nukleotida yang relatif sama. Jumlah situs yang polimorfik 2–5 situs; terbanyak terjadi pada populasi Jonggol (5 situs) dan paling sedikit pada populasi Ngawi (2 situs). Rata-rata jumlah perbedaan nukleotida (k) adalah 0,929 (Cepu)–1,800 (Jogya).

Pohon filogeni NJ memperlihatkan bahwa semua burung betet *P. a. alexandri* yang diteliti di sini mengelompok tersendiri dari jenis *Psittacula* lainnya, didukung oleh 99 % nilai *bootstrap*. Individu-individu pada masing-masing populasi

Tabel 1. Rata-rata Jarak genetik antar individu betet jawa (*P.a. alexandri*) di dalam populasinya berdasarkan sekuen DNA gen ND2 (bawah diagonal). Angka di atas diagonal adalah *standart error*.

Populasi	Jarak genetik
<i>P. a. alexandri</i> (populasi Jonggol Bogor; JB)	0,0015 ± 0,0007
<i>P. a. alexandri</i> (populasi Cepu/Blora; C/B)	0,0009 ± 0.0006
<i>P. a. alexandri</i> (populasi Kaliurang Jogya; Jo)	0,0018 ± 0.0009
<i>P. a. alexandri</i> (populasi Ngawi' Jatim; Ng)	0,0010 ± 0.0007

Tabel 2. Rata-rata jarak genetik antar populasi betet jawa (*P. a. alexandri*) berdasarkan sekuen DNA gen ND2. Angka di atas diagonal adalah standrat eror

Lokasi	1	2	3	4
Bogor		0,0012	0,0022	0,0021
Cepu/Blora	0,0024		0,0018	0,0018
Jogya	0,0058	0,0044		0,0013
Ngawi	0,0053	0,004	0,0027	

Tabel 3. Variasi dan haplotipe pada 1020-pb dari gen ND2 pada 26 individu burung betet dari 4 populasi Bogor-Jabar (JB), Cepu/Blora-Jateng (C/B), Jogja (Jo), dan Ngawi- Jatim (Ng).

No.	Individu burung betet	Situs basa nukleotida yang bervariasi																	
		1	2	7	7	3	3	8	8	0	2	2	0	0	2	6	8	8	9
		8	4	3	4	2	3	5	6	2	1	7	7	8	4	7	1	3	4
1	<i>P.a.alexandri</i> 81Bt1 (JB)	C	T	G	G	T	C	C	C	T	C	T	T	C	A	A	C	C	C
2	<i>P.a.alexandri</i> 82Bt2 (JB)
3	<i>P.a.alexandri</i> 88Bt3 (JB)	T	.
4	<i>P.a.alexandri</i> 84Bt4 (JB)	.	.	.	A	C	.	T	.	.
5	<i>P.a.alexandri</i> da85Bt5 (JB)	T	.
6	<i>P.a.alexandri</i> da86Bt6 (JB)	T
7	<i>P.a.alexandri</i> da87Bt7 (JB)	.	.	.	A
8	<i>P.a.alexandri</i> da88Bt8 (JB)
9	<i>P.a.alexadri</i> da89Bt9 (JB)	A
10	<i>P.a.alexandri</i> da90Bt10 (C/B)	C	.	.	.	T
11	<i>P. a.alexandri</i> da91Bt11 (C/B)	C
12	<i>P.a.alexandri</i> da92Bt12 (C/B)	C
13	<i>P.a.alexandri</i> da93Bt13 (C/B)	C
14	<i>P.a.alexandri</i> da94Bt14 (C/B)	C	C
15	<i>P.a.alexandri</i> da95Bt15 (C/B)	C
16	<i>P.a.alexandri</i> da96Bt16 (C/B)	C	.	.	.	T
17	<i>P.a.alexandri</i> da97Bt17 (C/B)	T	.	.	.	C
18	<i>P. a.alexandri</i> da98Bt18 (Jo)	.	.	A	.	C	T	.	.	C	T	.	.
19	<i>P.a.alexandri</i> da99Bt19 (Jo)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	C	.	.	.	T	.	.
20	<i>P.a. alexandri</i> da100Bt20 (Jo)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	T	.	T	.	.
21	<i>P.a.alexandri</i> da101Bt21 (Jo)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	C	.	.	.	T	.	.
22	<i>P.a. alexandri</i> da102Bt22 (Jo)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	.	A	.	.	T	.	.
23	<i>P.a.alexandri</i> da56Pa (Ng)	.	C	A	.	C	.	T	.	C	.	.	C
24	<i>P.a.alexadri</i> da57Pa (Ng)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	C
25	<i>P.a.alexandri</i> da59Pa (Ng)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	C
26	<i>P.a.alexandri</i> da60Pa (Ng)	.	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	C

juga mengelompok tersendiri meskipun hanya didukung oleh nilai *bootstrap* yang relatif kecil (50-69 %) (Gambar 1).

PEMBAHASAN

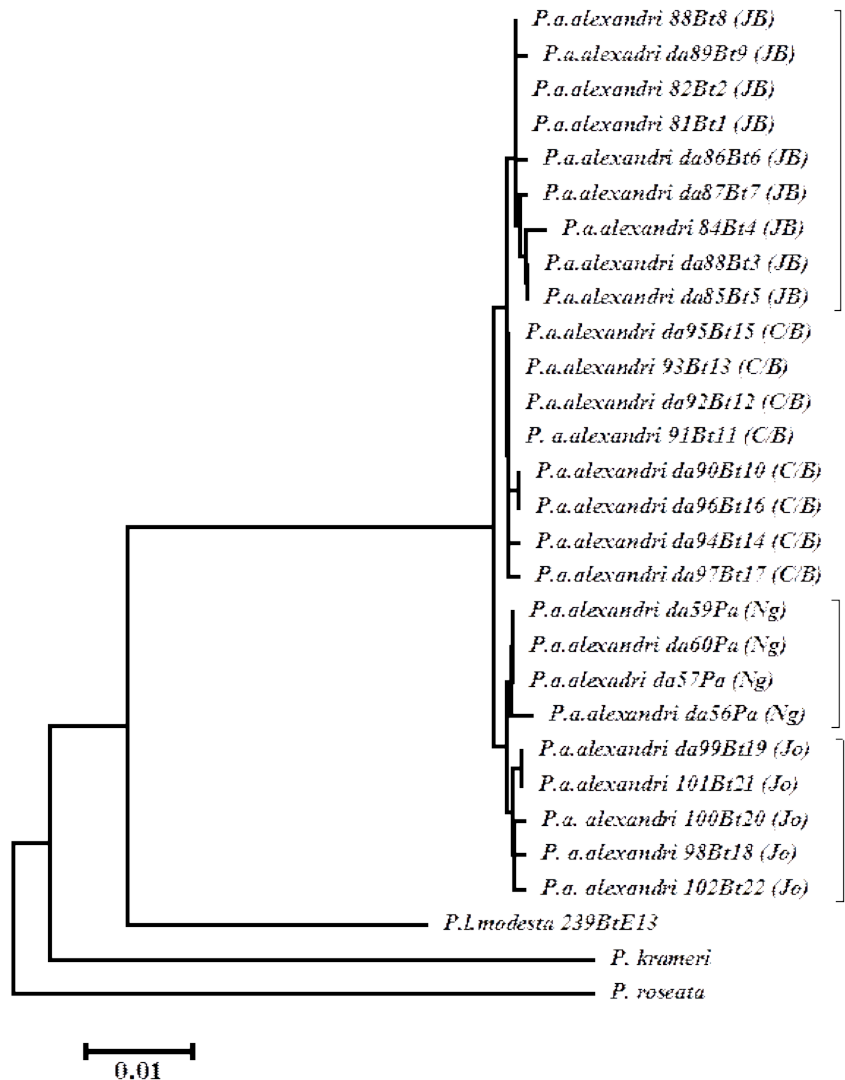
Jumlah codon yang menyusun ND2 pada penelitian ini adalah 340 yang menyusun hanya 20 asam amino. Ini dapat dijelaskan bahwa ND2 merupakan gen pengkode protein sehingga DNAny tersusun oleh codon-codon yang membentuk asam amino-asam amino, baik yang bersifat sinonim maupun non-sinonim. Asam amino synonimus dikode oleh tiga codon yang berbeda tapi memiliki jenis asam aminonya sama dan perbedaannya

umumnya terletak pada posisi codon ketiga, sedangkan yang non-sinonim disusun oleh 3 kodon yang berbeda dan membentuk asam amino yang berbeda (Li & Graur 1991)

Dari 340 codon yang menyusun ND2, hanya terdapat 20 asam amino (Li & Graur 1991). Terjadinya substitusi basa transisi lebih banyak dari substitusi transversi, ini karena pada substitusi transisi lebih mudah terjadi karena masing-masing basanya ada dalam kelompok basa yang sama, baik itu purin (adenin dan guanin) ataupun pirimidin (timin dan sitosin). Pada kasus di sini substitusi transisi terjadi antara basa-basa pirimidin. Oleh karena struktur dari kode genetik, substitusi sinonimus paling sering terjadi pada codon ketiga dan

Tabel 4. Nilai parameter diversitas pada masing-masing populasi burung betet berdasarkan 1020-pb gen DN2.

No.	Parameter	Bogor	Cepu	Jogya	Ngawi	Total lokasi
1.	Jumlah sampel (m)	9	8	5	4	26
2.	Jumlah situs yang bervariasi (S)	5	3	4	2	18
3.	Situs yang mengandung informasi parsimony	2	1	1	0	8
4.	Jumlah situs yang tidak bervariasi	1015	1017	1016	1018	1002
5.	Jumlah haplotipe (h)	6	4	4	2	16
6.	Diversitas haplotipe (Hd)	0,889 ± 0,091	0,750 ± 0,139	0,900 ± 0,1610	0,500 ± 0,265	0,954±0,022
7.	Diversitas nukleotida(π)	0,0038 ± 0,0011	0,0009 ± 0,0008	0,0018 ± 0,0012	0,0010 ± 0,0001	0,0033±0,0017
8.	Rata-rata jumlah beda nukleotida (k)	1.556	0.929	1.800	1.000	3.382



Gambar 1. Pohon NJ dari 4 populasi burung betet Jawa *P. a. alexandri* berdasarkan 1020-pb gen ND2. Angka-angka yang tertera pada gambar adalah nilai bootstap. *P.l. modesta*, *P. krameri*, dan *P. roseata* adalah *outgroup species*. JB= Bogor-Jabar, C/B = Cepu/Blora- Jateng, Jo = Jogya-DIY, dan Ng = Ngawi-Jatim.

hampir 70 % perubahan nukleotida yang terjadi pada codon ketiga adalah sinonimus. Semua substitusi pada codon kedua adalah non-sinonimus (Li & Graur 1991).

Jarak genetik burung betet Jawa di dalam populasi-populasi yang diamati ini relatif kecil ini menunjukkan, bahwa kemungkinan dapat dikarenakan individu-individu burung tersebut memiliki kedekatan hubungan satu dengan lainnya berasal dari populasi kecil yang bisa jadi berasal dari tetua yang sama. Pada individu-individu dalam satu populasi jenis burung yang sama, kecilnya jarak genetik ini dapat terjadi dan jarak genetik antara populasi juga relatif kecil. Kecilnya jarak genetik di antara individu dalam populasi maupun di antara populasi di sini sangat masuk akal karena individu-individu tersebut masih termasuk dalam jenis atau anak jenis yang sama. Pada burung perkici jarak genetik di antara individu dalam satu jenis adalah $0,005 \pm 0,004$ (*T. flavoviridis*) dan $0,0072 \pm 0,002$ (*T. ornatus*) (Astuti & Prijono 2016). Masing-masing populasi memiliki haplotipe yang berbeda dengan populasi lainnya. Ini berarti bahwa tidak terdapat *share* haplotipe di antara populasi betet yang berbeda. Diversitas haplotipe dari semua individu di dalam semua populasi relatif tinggi ($0,954 \pm 0,022$). Nilai diversitas haplotipe tertinggi pada populasi Jogja dan Bogor, dan terendah pada populasi Ngawi, ini menunjukkan bahwa komposisi basa pada masing-masing individu lebih beragam pada populasi Jogja dan Bogor. Sedangkan nilai diversitas nukleotida (P_i) tertinggi pada populasi Bogor/Jonggol (Jabar) ini menunjukkan bahwa pada populasi betet di Bogor memiliki variasi nukleotida pada situs sekuen DNA yang lebih banyak dibandingkan populasi lainnya. Ini bisa dilihat dari adanya jumlah situs yang bervariasi (5 situs) dibandingkan jumlah situs bervariasi pada populasi lainnya yaitu Jogja, Cepu, dan Ngawi.

Adanya variasi genetik dalam suatu populasi menjelaskan keberadaan alel yang berbeda di dalam populasi untuk gen-gen tertentu. Kehadiran variasi genetik menunjukkan bahwa individu-individu dari populasi bervariasi di alel yang mereka miliki, yang berarti bahwa individu berbeda dalam genotipe (Yeh 2002). Variasi genetik adalah hal yang vital bagi populasi hewan untuk beradaptasi terhadap berbagai lingkungan dan respon terhadap

seleksi, oleh karenanya berbagai upaya konservasi dan pengembangan harus dimulai dari mengetahui variasi genetik di dalam populasi hewan tersebut (Tora *et al.* 2011). Variasi genetik memiliki implikasi terhadap konservasi pada tingkat jenis (Holsinger 1999). Kajian dari variabilitas genetik merupakan tahap awal di dalam evaluasi status konservasi jangka panjang dari spesies pada kondisi-kondisi alami (Astorga & Campos 2004). Estimasi akurat dari diversitas genetik *species endangered* merupakan elemen penting di dalam mendesain program-program konservasi (Hamrick *et al.* 1991; Kim *et al.* 2005).

Nilai diversitas haplotipe maupun diversitas nukleotida yang tinggi pada populasi Jogja dan Bogor/Jonggol, mengindikasikan bahwa kedua populasi tersebut memiliki diversitas genetik yang relatif tinggi dibandingkan populasi dibandingkan populasi lainnya. Ini mengisyaratkan kemungkinan kualitas atau keadaan populasi betet di Jogja dan Bogor/Jonggol yang lebih bervariasi dibandingkan dengan populasi lainnya. Menjaga diversitas genetik adalah sangat penting untuk kelangsungan hidup (long-term survival) dari suatu spesies, karena hilangnya variasi genetik di dalam populasi mungkin signifikan menurunkan kemampuan adaptasi terhadap perubahan lingkungan dan meningkatkan resiko kepunahan (Izawa *et al.* 2007). Sepertinya, populasi dengan sedikitnya diversitas genetik sering menunjukkan peningkatan laju kepunahan (Markert *et al.* 2010). Inbreeding, genetic drift, restricted aliran gene, dan populasi kecil semuanya berperan pada penurunan diversitas genetik (Frankham *et al.* 2010).

Pohon filogeni menggambarkan, bahwa anak jenis *P. a. alexandri* monofiletik, terpisah dari burung betet jenis lainnya. Begitu juga individu-individu mengelompok di dalam populasinya. Ini juga ditunjukkan dengan haplotipe sekuen DNA yang tidak ada *share* antara populasi satu dengan populasi lainnya. Kedekatan antara betet pada populasi Bogor dan Cepu/Blora begitu juga antara betet dari populasi Jogja dan Ngawi masih belum bisa dipastikan dan kedekatan ini kemungkinan tidak stabil karena nilai *bootstrap* yang relatif kecil.

KESIMPULAN

Analisis dari 1020-pb gen ND2 memberikan kesimpulan, bahwa masing-masing populasi

burung betet *Psittacula alexandri alexandri* di Pulau Jawa pada penelitian ini memiliki struktur genetik yang berbeda, dengan haplotipe nukleotida yang berbeda dan nukleotide diversitasnya relatif rendah. Jarak genetik pada masing-masing populasi relatif rendah dengan variasi substitusi basa yang sedikit tetapi nilai diversitas haplotipe tinggi. Populasi Yogya dan Bogor memiliki diversitas haplotipe relatif lebih tinggi dibandingkan dengan populasi lainnya.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penelitian ini didanai oleh proyek DIPA Tematik Pusat Penelitian Biologi-LIPI SUB-Kegiatan Pemetaan Fauna Jawa. Terima kasih kepada pihak-pihak yang telah membantu penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Astuti, D. & SN. Prijono. 2016. Nucleotide Variation in the NA Dehydrogenase Subunit-2 Gene Sequences of Lorikeet (Genus *Trichoglossus*) Birds from Sulawesi Island. AIP Conference Proceeding of The 4th International Conference on Biological Science. Towards the sustainable use of biodiversity in a changing environment: From basic to applied research. AIP Conference Proceeding. 1744: 0200141–0200145; doi:10.1063/1.4953488. Published by AIP Publishing.
- Avise, JC. 2000. Phylogeography: The History and Formation of Species. Harvard University Press. Harvard. Cambridge, Massachusetts, London, England. 447p
- Boore, JL. 1999. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research* 27: 1767-80.
- Bijlsma, R., J. Bundgaard, & AC. Boerema. 2000. Does inbreeding affect the extinction risk of small populations?: predictions from *Drosophila*. *Journal of Evolutionary Biology* 13: 502–514
- Clayton, DA. 2000. Vertebrate mitochondrial DNA - A circle of surprises. *Experimental Cell Research* 255:4-9
- Da Silva, A., G. Luikart, NG. Yoccoz, A. Cohas & D. Allaine. 2006. Genetic diversity, fitness correlation revealed by microsatellite analyses in European alpine marmots (*Marmota marmota*). *Conservation Genetics* 7: 371–382.
- Dixo, M., JP. Metzger, JS. Morgante, & KR. Zamudio. 2009. Habitat fragmentation reduces genetic diversity and connectivity among toad populations in the Brazilian Atlantic Coastal Forest. *Biological Conservation* 142: 1560–1569.
- Eldridge, MDB., C. Rummery, C. Bray, KR. Zenger, TL. Browning, & RL. Close. 2004. Genetic analysis of a population crash in brush-tailed rock-wallabi (*Petrogale penicillata*) from Jenolan Caves, south-eastern Australia. *Wildlife Research* 31: 229-240.
- Forshaw, JM. 1989. Parrots of the world. 3rd edition. Lansdowne Edition. 672 p.
- Frankham, R., JD. Ballou, & DA. Briscoe. 2010. Introduction to conservation genetics. 2nd ed. Press Syndicate for the Univ. of Cambridge, Cambridge, U. K
- Juniper, T. & M. Parr. 1998. A guide to parrots of the world. Yale University Press. New Haven and London. 584p.
- George, S., J. Sharma, & VL. Yadon. 2009. Genetic diversity of the endangered and narrow endemic *Piperia yadonii* (Orchidaceae) assessed with ISSR polymorphisms. *American Journal of Botany* 96 (11): 2022–2030
- González-Astorga, J. & G. Castillo-Campos. 2004. Genetic variability of the narrow endemic tree *Antirhea aromatica* Castillo-Campos & Lorence, (Rubiaceae, Guettardeae) in a tropical forest of Mexico, *Annals of Botany* 93: 521– 528.
- Hamrick JL., MJW. Godt, DA. Murawshi, & MD. Loveless. 1991. Correlations between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology, in: D.A. Falk, K.E. Holsinger (Eds.), Genetics and Conservation of Rare Plants, Oxford University Press, New York, America. pp. 75–86.
- Holsinger, KE., RJ. Mason-Gamer, & J. Whitton. 1999. Genes, demes and plant conservation, in: L.F. Landweber, A.P. Dobson (Eds.), Genes, Species and the Threat of Extinction: DNA and Genetics in the Conservation of Endangered Species, Princeton University Press, Princeton NJ. pp. 23–46.
- Izawa, T, T. Kawahara, & H. Takahashi. 2007.

- Genetic diversity of an endangered plant, *Cypripedium macranthos* var. *rebunense* (Orchidaceae): Background genetic research for future conservation. *Conservation Genetic* 8: 1369–1376.
- Janec̣ka, JE., ME Tewes, LL. Laack, LI. Grassman & AM Haines. 2008. Small effective population sizes of two remnant ocelot populations (*Leopardus pardalis albescens*) in the United States. *Conservation Genetic* 9: 869–878. doi: 10.1007/s10592-007-9412-1
- Kim SC, C. Lee & A. Santos-Guerra, Genetic analysis and conservation of the endangered Canary Island woody sow-thistle, *Sonchus gandogerii* (Asteraceae). 2005. *Journal of Plant Research* 118: 147–153
- Liberg, O., H. Andre'n, H-C. Pedersen, H. Sand, & D. Sejberg. 2005. Severe inbreeding depression in a wild wolf (*Canis lupus*) population. *Biology Letters* 1: 17–20. The Royal Society Publishing.
- Li Wen-Hsiung & D. Graur. 1991. *Fundamental of Molecular Evolution*. Sinaur Associates, Inc. Publishers. Sunderland, Massachusetts. 284 p.
- Markert, J A., DM. Champlin, & R. Gutjahr-Gobell. 2010. Population genetic diversity and fitness in multiple environments. *BMC Evolutionary Biology* 10: 205-215. Peery MZ., R. Kirby, BN. Reid, R. Stoelting, & R. Doucet-Be'er. 2012. Reliability of genetic bottleneck tests for detecting recent population declines. *Molecular Ecology* 21:3403-3418. Pillon, Y., R. Qamaruz-Zaman, MR Fay, F. Hendoux & Y. Piquot. 2007. Genetic diversity and ecological differentiation in the endangered fen orchid (*Liparis loeselii*). *Conservation Genetic*. 8: 177–184. DOI 10.1007/s10592-006-9160-7
- Schtickzelle N., G. Mennechez, & M. Baguette . 2006. Dispersal depression with habitat fragmentation in the bog fritillary butterfly. *Ecology* 87 (4): 1057–1065.
- Slate J., LEB. Kruuk, TC. Marshall, JM. Pemberton, & TH Clutton-Brock. 2000. Inbreeding depression influences lifetime breeding success in a wild population of red deer (*Cervus elaphus*). *Proceedings of the Royal Society of London B* 267: 1657–1662. doi: 10.1098/rspb.2000.1192. <http://rspb.royalsocietypublishing.org/> on December 28, 2016
- Tamura, K., D. Peterse, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei, & S. Kumar. 2011. MEGA 5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary, Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28:2731-2739
- Toro MA, THE. Meuwissen, J. Ferna'ndez, I. Shaat, & AM. ki-Tanila. 2011. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. *Animal*, page 1 of 15 & The Animal Consortium 2011. doi:10.1017/S1751731111000498
- U'jva'ri, B., T. Madsen, T. Kotenko, M. Olsson, & R. Shine. 2002. Low genetic diversity threatens imminent extinction for the Hungarian meadow viper (*Vipera ursinii rakosiensis*). *Biological Conservation* 105 : 127–130.
- Yeh, J. 2002. Genetic Variation in a Population. *Animal Sciences*. Encyclopedia. <http://www.encyclopedia.com/science>
- Vergeer, P., R. Rengelink, N. Ouborg, & JG. Roelofs. 2003. Effects of population size and genetic variation on the response of *Succisa pratensis* to eutrophication and acidification. *Journal of Ecology* 91: 600-609.