

VARIASI GENETIK DAN STRUKTUR POPULASI RUSA TIMOR (*Rusa timorensis*) DI CAGAR BIOSFER BELAMBANGAN, JAWA TIMUR

Woro Laras¹, Sena Adi Subrata², Muhammad Ali Imron²

Abstrak

Variasi genetik suatu spesies merupakan komponen penting yang perlu diperhatikan dalam upaya konservasi satwa liar untuk mencegah terjadinya *inbreeding* dan menjaga kemampuan adaptasi. Penurunan variasi genetik dapat terjadi karena kerusakan dan fragmentasi habitat yang berujung pada isolasi populasi. Maka dari itu konektivitas habitat diperlukan untuk menghubungkan populasi-populasi guna menjaga *gene flow*. Cagar Biosfer Belambangan merupakan salah satu contoh upaya konservasi biodiversitas yang memperhatikan konektivitas habitat satwa liar. Meskipun demikian, konektivitas habitat ini belum menjamin terjadinya perpindahan individu satwa karena adanya *landscape barrier* dan perbedaan kemampuan bergerak satwa. Oleh karena itu, dilakukan penelitian ini untuk mengetahui keterkaitan antara variasi genetik dan konektivitas habitat dengan mengambil studi kasus populasi Rusa timor yang merupakan spesies endemik di Pulau Jawa dan Bali. Dipilih metode pengambilan sampel genetik secara non-invasif agar tidak mengusik keberadaan Rusa tersebut. Sejumlah 100 sampel kotoran Rusa dikumpulkan dari Taman Nasional Baluran, Meru Betiri, Alas Purwo yang termasuk dalam Cagar Biosfer Belambangan dan Taman Nasional Bali Barat. Sampel tersebut selanjutnya diekstraksi DNA-nya dan PCR dilakukan untuk mengamplifikasi 7 loci. Amplicon hasil PCR diukur panjangnya menggunakan QIAxcel system. Data hasil pengukuran dianalisis untuk menaksir variasi genetik, struktur populasi, dan percampuran genetik dengan menggunakan software Microchecker, Genalex, Cervus, Genepop, FSTAT, STRUCTURE, dan BayesAss. Berdasarkan analisis yang dilakukan, diketahui bahwa variasi genetik Rusa timor paling rendah terdapat pada populasi di TN Alas Purwo, sedangkan paling tinggi terdapat pada TN Meru Betiri. Populasi Rusa timor di Cagar Biosfer Belambangan terstruktur secara genetik, meskipun lemah ($F_{ST} = 0,15$). Selain itu, dari hasil analisis juga diketahui bahwa telah terjadi percampuran genetik antar sub populasi Rusa timor di Pulau Jawa dan Bali.

Kata kunci: mikrosatelit, konektivitas, QIAxcel, Hardy-Weinberg, migrasi

¹ Mahasiswa Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada

² Staf Pengajar Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada

GENETIC VARIATION AND POPULATION STRUCTURE OF RUSA TIMOR (*Rusa timorensis*) IN BELAMBANGAN BIOSPHERE RESERVE, EAST JAVA

Woro Laras¹, Sena Adi Subrata², Muhammad Ali Imron²

Abstract

Genetic variation is an essential part that needs to be considered in wildlife conservation to prevent inbreeding and maintain adaptability. A decrease in genetic variation can be caused by habitat destruction and fragmentation, that leading to an isolated population. Consequently, habitat connectivity is needed to maintain gene flow. The Belambangan Biosphere Reserve is an example of biodiversity conservation that considered wildlife habitat connectivity. However, the connectivity does not guarantee the dispersal of animals due to landscape barriers and differences in the moving ability. Therefore, this research was conducted to perceive the relationship between genetic variation and habitat connectivity by taking a case study of the Rusa deer, an endemic species on the islands of Java and Bali. A non-invasive genetic sampling method was chosen so as not to disturb the presence of the deer. A total of 100 samples of deer feces were collected from the Baluran, Meru Betiri, and Alas Purwo National Parks which are included in the Belambangan Biosphere Reserve and Bali Barat National Park as population control. Then the DNA was extracted from the sample and PCR was performed to amplify 7 loci. The length of the PCR amplicon was measured using QIAxcel System. Microchecker, Genealex, Cervus, Genepop, FSTAT, STRUCTURE, and BayesAss software were used to analyze the data to estimate genetic variation, population structure, and genetic admixture. Based on the analysis, it is known that the lowest genetic variation is found in the Alas Purwo National Park, while the highest is found in Meru Betiri National Park. Although weak, the Rusa deer population in the Belambangan Biosphere Reserve is genetically structured ($F_{ST} = 0,15$). Last, it is also known that there has been genetic mixing between the Rusa deer population in Java and Bali.

Keywords: microsatellite, connectivity, QIAxcel, Hardy-Weinberg, migration

¹ Student of Faculty of Forestry Universitas Gadjah Mada

² Lecturer of Faculty of Forestry Universitas Gadjah Mada