

PENAKSIRAN VARIASI GENETIK MACAN TUTUL JAWA *Panthera pardus melas* (Cuvier, 1809) DENGAN MARKER GEN CYTOCHROME B DAN NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 5 (NADH-5) MTDNA

Aina Pasya, Dwi Sendi Priyono, dan Sena Adi Subrata

Intisari

Macan tutul jawa *Panthera pardus melas* (Cuvier, 1809) memiliki peran penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem hutan di Pulau Jawa. Kehadiran populasi ini mengalami penurunan akibat aktivitas manusia seperti konversi hutan dan perubahan tata guna lahan yang mengakibatkan fragmentasi populasi. Untuk mencegah kepunahan spesies ini, dibutuhkan upaya konservasi yang efektif, salah satunya yaitu melalui pemahaman mengenai variasi genetik yang menjadi dasar perumusan strategi pengelolaan dan pelestarian jangka panjang. Penelitian ini menganalisis variasi genetik gen *cytochrome b* dan NADH-5 dari DNA mitokondria (mtDNA) pada populasi macan tutul jawa menggunakan sampel feses yang diperoleh dari Gunung Burangrang, Pegunungan Dieng, dan Gunung Muria, serta sampel darah yang berasal dari Gembira Loka Zoo sebagai kontrol positif. Sebanyak 19 sampel feses dan satu sampel darah diekstraksi dan diamplifikasi menggunakan metode PCR serta disekuensing melalui metode *Sanger*. Analisis variasi genetik macan tutul jawa dilakukan dengan mengukur keragaman haplotipe (Hd) dan keragaman nukleotida (π) pada sampel. Analisis hubungan kekerabatan dilakukan dengan rekonstruksi pohon filogenetik dan *haplotype network*. Selanjutnya, analisis variasi genetik antarpopulasi dilakukan dengan menghitung estimasi jarak genetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa tidak ada perbedaan variasi genetik pada gen *cytochrome b* dan NADH-5 DNA mitokondria (mtDNA) dari populasi macan tutul jawa di Gunung Burangrang, Pegunungan Dieng, dan Gunung Muria. Hal ini dapat dilihat dari nilai keragaman haplotipe (Hd) dan keragaman nukleotida (π) yang didapatkan sebesar 0,0000 serta nilai jarak genetik antarpopulasi sebesar 0,0000. Temuan ini menunjukkan bahwa untuk menjaga dan meningkatkan variasi genetik macan tutul jawa, diperlukan upaya konservasi genetik seperti translokasi dan/atau reintroduksi guna mempertahankan kelestarian spesies ini.

Kata Kunci: Metode PCR, Metode *Sanger*, Filogenetik, *Haplotype Network*

ASSESSMENT OF GENETIC VARIATION IN THE JAVAN LEOPARD *Panthera pardus melas* (Cuvier, 1809) USING CYTOCHROME B AND NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 5 (NADH-5) MTDNA GENE MARKERS

Aina Pasya, Dwi Sendi Priyono, and Sena Adi Subrata

Abstract

The javan leopard *Panthera pardus melas* (Cuvier, 1809) plays a crucial role in maintaining the ecological balance of forest ecosystems on Java Island. However, its population has declined due to human activities, such as deforestation and land-use changes, leading to population fragmentation. To prevent the extinction of this species, effective conservation strategies are essential, and a key aspect of these efforts is the understanding of genetic variation, which forms the foundation for developing long-term management and conservation plans. This study aimed to assess the genetic variation of the *cytochrome b* and NADH-5 genes from mitochondrial DNA (mtDNA) in javan leopard populations using fecal samples collected from Mount Burangrang, Dieng Mountains, and Mount Muria, alongside blood samples from Gembira Loka Zoo as a positive control. A total of 19 fecal samples and one blood sample were extracted, amplified using the PCR method, and sequenced via *Sanger* sequencing method. Genetic variation was analyzed by measuring haplotype diversity (H_d) and nucleotide diversity (π). Kinship was assessed through phylogenetic tree reconstruction and haplotype network analysis, while genetic differences between populations were estimated by calculating genetic distance. The results revealed that no differences in genetic variation across the *cytochrome b* and NADH-5 genes of the mitochondrial DNA among the javan leopard populations from Mount Burangrang, Dieng Mountains, and Mount Muria. This was reflected in the haplotype diversity (H_d) and nucleotide diversity (π) values of 0,0000, as well as the genetic distance of 0,0000 between populations. These findings suggest that to maintain and increase the genetic variation of the javan leopard, genetic conservation efforts such as translocation and/or reintroduction are needed to maintain the sustainability of this species.

Keywords: PCR Method, *Sanger* Method, Phylogenetics, Haplotype Network