UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Identifikasi Mangsa Macan Tutul Jawa (Panthera pardus melas) (G. Cuvier, 1809) dari Sampel Feses Menggunakan Teknik Metabarcoding
Azka Pramudya Rifki Suwardi, Prof. Dr.rer.nat. Ir. Sena Adi Subrata, S.Hut., M.Sc., IPU. ; Dr. Dwi Sendi Priyono, S.S
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

IDENTIFIKASI MANGSA MACAN TUTUL JAWA (*Panthera pardus melas)* (G. Cuvier, 1809) DARI SAMPEL FESES MENGGUNAKAN TEKNIK *METABARCODING*

Azka Pramudya Rifki Suwardi, Sena Adi Subrata, dan Dwi Sendi Priyono

Intisari

Macan tutul jawa (*Panthera pardus melas*) (G.Cuvier, 1809) merupakan predator puncak di Pulau Jawa dengan status terancam punah (*Endangered*). Laju penurunan dan fragmentasi habitat di Pulau Jawa telah meningkatkan potensi konflik satwa liar-manusia. Oleh karena itu, identifikasi jenis mangsa secara akurat merupakan langkah penting untuk merumuskan kebijakan dan strategi konservasi yang efektif dan berbasis ilmiah. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi jenis mangsa macan tutul jawa secara molekuler menggunakan teknik *metabarcoding* dari sampel feses, serta menaksir dan membandingkan keanekaragaman mangsa (*alpha* dan *beta diversity*) berdasarkan perbedaan lokasi geografis dan dimorfisme seksual macan tutul jawa.

Penelitian non-invasif menganalisis 31 sampel feses macan tutul jawa yang dikumpulkan dari 8 lokasi yang tersebar di *ecoregion* Jawa bagian Barat, Tengah, dan Timur. Sampel diproses dengan teknologi NGS menggunakan primer *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI). Hasil identifikasi awal mencatat total 25 genus mangsa. Setelah penyaringan bioinformatika menggunakan *microbiomeanalyst*, sebanyak 13 genus mangsa yang valid terkonfirmasi, terdiri dari 2 kelas (Aves dan Mammalia), 5 ordo, dan 11 family. *Reads* mangsa yang paling dominan dan terdistribusi secara luas adalah genus *Muntiacus* dengan spesies terprediksi yaitu *Muntiacus muntjak* (kijang),

Analisis keanekaragaman alfa diukur menggunakan Indeks Chao1, Shannon, dan Simpson, sementara keanekaragaman beta diukur dengan Indeks Bray-Curtis. Hasil uji disimilaritas mangsa menunjukkan adanya tidak terdapat perbedaan signifikan pada komposisi jenis mangsa pada 3 *ecoregion.* Namun, terdapat perbedaan signifikan pada komposisi jenis mangsa pada setiap lokasi pengambilan sampel (*p-value* < 0,05). Hal ini menegaskan bahwa variasi kondisi ekologis yang beragam di pada masing-masing lokasi memengaruhi komposisi dan pola konsumsi mangsa oleh macan tutul jawa. Sebaliknya, perbedaan jenis kelamin (dimorfisme seksual) macan tutul jawa tidak menunjukkan disimilaritas mangsa yang signifikan (*p-value* > 0,05). Informasi mengenai jenis dan keragaman mangsa ini menjadi basis data penting untuk merancang kebijakan konservasi macan tutul jawa yang berkelanjutan, berlandaskan riset, dan sesuai dengan karakteristik ekologis yang dikorelasikan dengan temuan molekuler

Kata Kunci: Macan tutul jawa, *Metabarcoding*, Mangsa, Feses, Keanekaragaman Mangsa.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Identifikasi Mangsa Macan Tutul Jawa (Panthera pardus melas) (G. Cuvier, 1809) dari Sampel Feses Menggunakan Teknik Metabarcoding
Azka Pramudya Rifki Suwardi, Prof. Dr.rer.nat. Ir. Sena Adi Subrata, S.Hut., M.Sc., IPU. ; Dr. Dwi Sendi Priyono, S.S
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

IDENTIFICATION OF JAVAN LEOPARD PREY (*Panthera pardus melas*) (G.Cuvier, 1809) FROM FECAL SAMPLES USING METABARCODING TECHNIQUE

Azka Pramudya Rifki Suwardi, Sena Adi Subrata, and Dwi Sendi Priyono

Abstract

The Javan leopard (*Panthera pardus melas*) (G. Cuvier, 1809) is the apex predator on Java Island, classified as Endangered. The rate of habitat loss and fragmentation on Java Island has increased the potential for human-wildlife conflict. Therefore, accurate identification of prey species is an important step for formulating effective and science-based conservation policies and strategies. This study aimed to molecularly identify the Javan leopard's prey species using metabarcoding technique from fecal samples, as well as to estimate and compare prey diversity (alpha and beta diversity) based on geographical location differences and the Javan leopard's sexual dimorphism.

This non-invasive study analyzed 31 Javan leopard fecal samples collected from 7 locations spread across West, Central, and East Java. Samples were processed with NGS technology using Cytochrome Oxidase Subunit I (*COI*) primers. Identification results recorded a total of 25 prey genera. After bioinformatic filtering through microbiomeanalyst, 13 valid prey genera were confirmed, consisting of 2 classes (Aves and Mammalia), 5 orders, and 11 families. The most dominant and widely distributed prey reads genus was *Muntiacus*, with the predicted species is *Muntiacus muntjak* (Muntjac) or local name called by kijang.

Alpha diversity analysis was measured using the Chao1, Shannon, and Simpson Indices, while beta diversity was measured using the Bray-Curtis Index. The prey dissimilarity test results showed there is no significant difference in the prey species composition across the 3 ecoregions. However, there was a significant difference in the prey species composition at each sampling location (p-value < 0,05). This confirms that the diverse landscape variation and ecological conditions on Java Island influence the availability and consumption patterns of prey by the Javan leopard. Conversely, the difference in sex (sexual dimorphism) of the Javan leopard did not show a significant prey dissimilarity (p-value > 0,05). This detailed information on the types and diversity of these prey species serves as a crucial database for designing sustainable, research-based conservation policies for the Javan leopard that align with the ecological characteristics associated with molecular findings.

Keywords: Javan leopard, Metabarcoding, Prey, Feces, Prey Diversity.