

## INTISARI

Banteng (*Bos javanicus* d'Alton, 1823) merupakan salah satu mamalia termasuk kategori terancam punah (*endangered*) dan berada pada kategori populasi kecil. Pada kondisi tersebut, upaya konservasi banteng Jawa tidak sebatas pada aspek ekologi dan demografi namun dilengkapi juga dengan aspek genetika. Penelitian ini bertujuan untuk menggambarkan karakteristik genetik banteng Jawa untuk upaya konservasi genetik. Secara khusus tujuan penelitian ini meliputi: (1) menentukan kepastian taksonomi dan kemurnian genetik banteng Jawa berdasarkan posisi filogenetiknya di dalam kelompok Bovidae; (2) menentukan kekerabatan genetik dan diferensiasi evolusi banteng Jawa antar populasi berdasarkan gambaran filogeografinya; dan (3) mendefinisikan keragaman dan jarak genetik antar populasi alam dengan menggunakan sampel DNA noninvasif.

Lokasi penelitian mencakup empat kawasan konservasi prioritas populasi alam banteng Jawa, yaitu: Taman Nasional Baluran, Taman Nasional Alas Purwo, Taman Nasional Meru Betiri dan Taman Nasional Ujung Kulon. Materi genetik yang digunakan berupa feses segar dan dianalisis DNA-nya di Laboratorium Genetika Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan, Yogyakarta. Penanda DNA yang digunakan adalah penanda sekuensing DNA mitokondria (region d-loop dan *cyt b*) dan penanda mikrosatelit.

Hasil analisis menunjukkan bahwa banteng Jawa (*B. j. javanicus*) di populasi alam merupakan sub spesies yang berbeda dengan sub spesies banteng lainnya (*B. j. lowi* dan *B. j. birmanicus*). menempati kelompok yang berbeda dengan *B. j. lowi* dan *B. j. birmanicus*. Banteng Jawa juga masih memiliki genetik yang murni dari sapi ternak yang ditunjukkan dengan terpisahnya posisi banteng Jawa dari *B. indicus* dan *B. taurus* dalam pohon filogenetik. Karakter genetik berdasar DNA mitokondria menunjukkan bahwa banteng Jawa memiliki empat macam tipe haplotipe dengan pola *star shape prominent*. Dua haplotipe dengan frekuensi tertinggi tersebar di tiga taman nasional (TN. Ujung Kulon, TN. Alas Purwo dan TN. Baluran) serta penangkaran semi *in situ*. Taman Nasional Meru Betiri memiliki haplotipe spesifik yang tidak dijumpai di taman nasional lainnya.

Banteng Jawa memiliki keragaman genetik yang cenderung rendah dengan nilai heterozigositas berkisar antara 0,363-0,416, koefisien *inbreeding* berkisar antara  $0,230 \pm 0,19$  sampai  $0,383 \pm 0,09$ . Koefisien *inbreeding* tertinggi dijumpai di TNAP yang memiliki jumlah individu yang banyakk. Jarak genetik populasi terdekat antara penangkaran semi *in situ* dengan TNAP dan terjauh antara TNB dan TNUK. Masing-masing populasi terdiferensiasi dan populasi yang signifikan berbeda pada populasi yang memiliki jarak geografi tinggi, yaitu: antara populasi TNUK dengan TNB dan antara TNUK dengan TNAP. Penelitian ini juga berhasil mengidentifikasi alel privat pada populasi TNUK, TNAP dan TNB.

Kata kunci: banteng Jawa, filogenetik, filogeografi, koefisien *inbreeding*, populasi alam, feses.

## ABSTRACT

Banteng (*Bos javanicus* d'Alton, 1823) is one of large mammal belongs to the endangered category according to IUCN. The effort to conserve banteng in Indonesia requires a lot of basic information related to the ecological, demographic, behavioral, and genetic characteristics of the population. This basic information has been widely available, especially from scientific studies using an ecological approach. However, basic information related to genetic characteristics using DNA markers is still very lacking, especially for Javan banteng from natural populations.

This study aims to examine the genetic characteristics of Javan banteng from natural populations and semi in-situ captivity, which specifically included: (1) taxonomic certainty base on phylogenetic position; (2) kinship among populations reviewed base on phylogeography and haplotypes characteristics; and (3) genetic diversity and genetic distance among populations measured using non-invasive DNA samples.

The research locations were in Baluran National Park (BNP), Alas Purwo National Park (APNP), Meru Betiri National Park (MBNP) and Ujung Kulon National Park (UKNP). DNA's analysis was carried out at the Molecular Genetic Laboratory, Center for Research and Development of Biotechnology and Forest Plant Breeding, Yogyakarta. DNA analysis of this study had using microsatellite with five polymorphic loci, and mitochondrial DNA sequencing markers (d-loop and cyt b).

Phylogenetic tree composed using two region of mitochondrial DNA regions, meanwhile the phylogeographic analyzed using just one region. The result of this study shows that the Javan banteng (*B. javanicus*) in this study had different group with *B. j. lowi* and *B. j. birmanicus*. The Javan bantengs were had genetic purity. Furthermore, Javan banteng has four types of haplotype with prominent star shape patterns. The two highest frequency haplotypes were scattered in three national parks (UKNP, APNP and BNP) and semi in situ cages, however MBNP has a specific haplotype that is not found in other national parks.

Javan Banteng has heterozygosity values ranging from 0.363 to 0.416, inbreeding coefficients range from  $0.230 \pm 0.19$  to  $0.383 \pm 0.09$ . The highest inbreeding coefficient is found in TNAP which has many individuals. The closest genetic population distance between semi in-situ captivity and TNAP; the furthest between TNB and TNUK. Each population is differentiated and a population that is significantly different in populations that have a high geographical distance, namely: between TNUK and TNB populations and between TNUK and TNAP. This study also succeeded in identifying private alleles in TNUK, TNAP and TNB populations.

Keywords: Javan banteng, phylogenetic, phylogeography, inbreeding coefficient, natural population, feces