

**KERAGAMAN GENETIK MONYET EKOR PANJANG
(*Macaca fascicularis*) BERDASARKAN D-LOOP MTDNA
DI KAWASAN HUTAN KOTA NYARU MENTENG, PALANGKA RAYA**

***Genetic Diversity of Long-Tailed Macaques (*Macaca fascicularis*)
Based on mtDNA D-loop in Nyaru Menteng Urban Forest, Palangka Raya***

RIZKA HASANAH^{1*)}, FANDI TUJU¹⁾, FARIDAH TSURAYA¹⁾, LIA SEPTYA¹⁾,
dan RANDI SYAFUTRA²⁾

¹⁾ *Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Palangka Raya*

²⁾ *Program Studi Konservasi Sumber Daya Alam, Fakultas Teknik dan Sains,
Universitas Muhammadiyah Bangka Belitung*

*Email: rizkahasanah@mipa.upr.ac.id

Diterima Februari 2026/Disetujui Maret 2026

ABSTRACT

*The long-tailed macaque (*Macaca fascicularis*) is not classified as a protected species under Regulation No. P.20/MENLHK/SETJEN/KUM.1/6/2018. However, according to the IUCN, it is categorized as an endangered species due to pressures such as hunting. In the Nyaru Menteng Urban Forest, the presence of *M. fascicularis* populations has led to increasing conflict with local residents, largely driven by reduced natural food availability. Studies on the *M. fascicularis* population in Nyaru Menteng have not explored genetic variation at the molecular level. This study aimed to examine the genetic diversity of the population using the mtDNA D-loop marker. Samples were obtained non-invasively through fecal collection. Molecular analyses involved DNA extraction, amplification, and electrophoresis, followed by sequencing and analysis using MEGA 7. The results, based on four individuals (MF1–MF4), showed DNA concentrations ranging from 23.3 to 40.5 ng/μL with fragment sizes of approximately 1200 base pairs. Three distinct haplotypes were identified among the samples, with genetic distances ranging from 0.00 to 0.14. Phylogenetic analysis revealed that the Nyaru Menteng macaques clustered with populations from Peninsular Malaysia (Clade 1), while forming a separate group from other Bornean populations (Clade 2). This research show that genetic diversity is low between population because very rapid population growth of the group and there is an indication of inbreeding. Furthermore, requires population maintenance management by separating the number of groups so as not to exceed the available feed capacity.*

Keywords: *genetic diversity, long-tailed macaques, non-invasive, nyaru menteng, settlement*

PENDAHULUAN

Kawasan Arboretum Nyaru Menteng merupakan kawasan hutan yang di dalamnya terdapat spesies flora dan fauna serta kawasan tersebut menjadi kawasan pelestarian plasma nutfah ekosistem hutan rawa. Arboretum Nyaru Menteng termasuk tipe hutan tropika dataran rendah dengan kondisi tanah berawa dan bergambut. Dengan luas wilayah 65,2 ha. Arboretum Nyaru Menteng merupakan kawasan konservasi plasma nutfah ekosistem hutan rawa di Provinsi Kalimantan Tengah. Jenis primata yang ada di Nyaru Menteng seperti orang utan Kalimantan (*Pongo pygmaeus*) yang berada di pusat rehabilitasi dan monyet ekor panjang (*Macaca fascicularis* Raffles, 1821) yang berada di kawasan hutan.

Monyet ekor panjang (*Macaca fascicularis*) menurut P.20/MENLHK/SETJEN/KUM.1/6/2018 tidak termasuk satwa yang dilindungi namun berdasarkan IUCN 2022 termasuk golongan hewan terancam (Endangered) karena menjadi target satwa buruan. Keberadaan satwa ini dianggap sebagai hama karena aktivitasnya yang sudah berinteraksi dengan pemukiman warga. Di kawasan Arboretum, *M. fascicularis* keberadaannya tumpang tindih dengan area pemukiman warga yang tinggal di kawasan Arboretum. Diduga karena populasi *M. fascicularis* yang semakin meningkat tetapi tidak diimbangi dengan ketersediaan pakan sehingga satwa tersebut memperlebar wilayah jelajah dalam mencari sumber pakan lainnya yakni ke pemukiman warga.

Monyet ekor panjang (MEP) memiliki kemampuan adaptasi yang baik di kawasan pemukiman. Populasi yang berada di kawasan pemukiman memiliki akses yang lebih mudah untuk memperoleh makanan, terutama melalui *provisioning* (Sha & Hanya, 2013). Pendapat tersebut diperkuat oleh Rahmawati (2014) yang meneliti perubahan perilaku MEP di sekitar hutan Arboretum lainnya, berupa perilaku agonistik untuk mendapatkan makanan. Lebih lanjut, Rahmawati (2014)) menyatakan perilaku mengganggu yang ditunjukkan oleh MEP berupa menggigit, mengambil dagangan warung milik warga, mengambil hasil kebun warga, serta melompat-lompat diatas atap rumah warga.

Penelitian untuk memperoleh informasi genetik pada populasi *M. fascicularis* Arboretum Nyaru Menteng dan Kota Palangka Raya belum pernah dilakukan. Penelitian pada tingkat molekuler juga penting dilakukan karena dapat digunakan untuk menganalisis variasi genetik, laju evolusi, struktur genetika populasi serta kekerabatan genetik (da Silva & Bruford, 2017; Liu *et al.*, 2015; Shiina *et al.*, 2010). Selain untuk melihat variasi genetik, penelitian molekuler juga dapat dijadikan bahan acuan dalam penerapan kebijakan konservasi (Farias *et al.*, 2015). Salah satu penanda genetik yang digunakan untuk melihat variasi genetik terdapat pada daerah d-loop DNA mitokondria (mtDNA) yang bersifat *non-coding*.

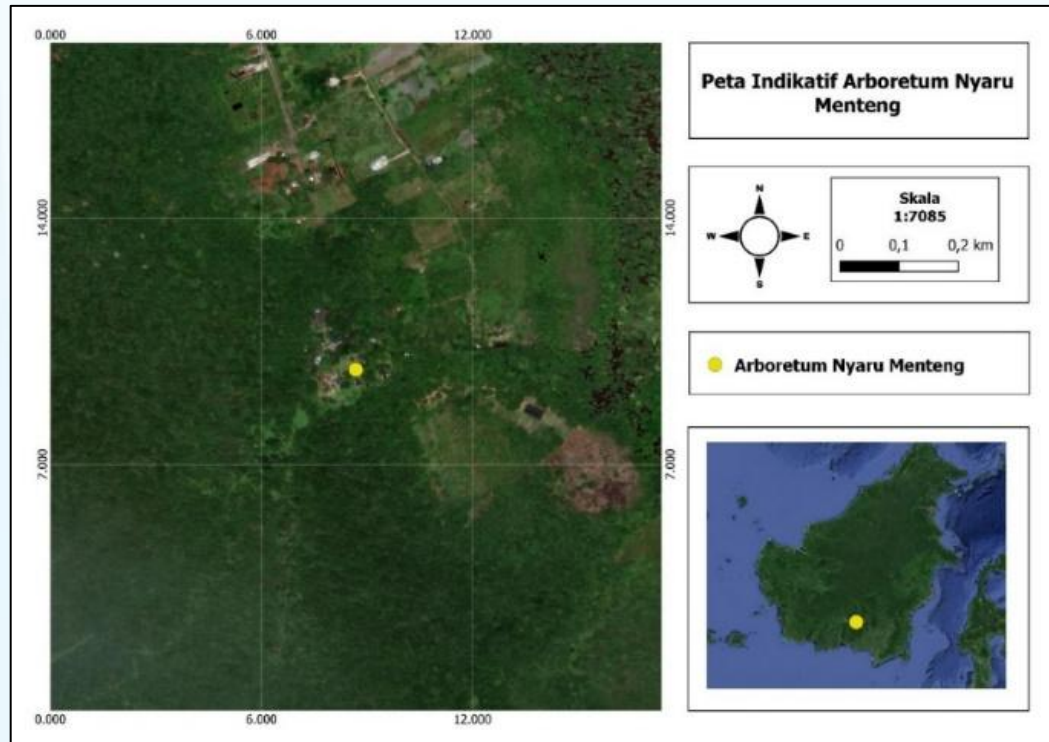
Analisis d-loop mtDNA merupakan metode yang paling sering digunakan untuk melihat variasi genetik dalam populasi serta hubungan filogenetik intraspesies (Zhong *et al.*, 2013). Selain untuk melihat variasi genetik, data genetik juga dapat menggambarkan hubungan kekerabatan antara ketiga populasi yang saling terisolasi melalui analisis filogenetik.

Analisis genetik menggunakan metode *non-invasive* yang artinya tidak menyakit hewan atau terjadinya introduksi secara langsung. Keragaman genetik dapat dijadikan sebagai informasi untuk mengetahui pengaruh dari populasi MEP yang tinggal di pemukiman. Informasi ini diharapkan dapat dijadikan sebagai saran dalam pengambilan keputusan konservasi oleh pihak terkait. Adapun tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis variasi genetik populasi *M. fascicularis* di kawasan pemukiman Hutan Kota Nyaru Menteng, Palangka Raya menggunakan penanda d-loop mtDNA.

METODE PENELITIAN

Kegiatan penelitian dilaksanakan pada bulan Mei-September 2024. Pengoleksian sampel dilaksanakan di kawasan hutan kota Nyaru Menteng, dengan titik koordinat 2°02'08.7"S 113°46'42.8"E, Kecamatan Bukit Batu, Kota Palangka Raya, Kalimantan Tengah (Gambar 1). Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Biologi Fakultas MIPA UPR dan Laboratorium Bioteknologi, Pusat Studi Satwa Primata (PSSP) IPB.

Alat yang digunakan dalam pengoleksian sampel adalah tabung koleksi sampel dan kotak pendingin. Alat yang digunakan untuk penelitian laboratorium adalah tabung koleksi, mikropipet, waterbath, Nanodrop, vortex, sentrifus, biosafety cabinet, GeneAmp® PCR System 9700 (Applied Biosystem), perlengkapan elektroforesis (Biorad), Gel Doc 2000 (Biorad) dan komputer. Bahan yang digunakan untuk pengoleksian sampel feses adalah etanol 96% dan Viral Transport Medium (VTM). Bahan yang digunakan dalam analisis molekuler terdiri dari etanol, QIAamp DNA Stool mini kit (QIAGEN Inc., Hilden, Germany), primer forward dan reverse, Gotaq green mastermix (Promega), Kappa HotStart ready mix (Kappa HS), MyTaq™ Red Mix (Bioline), Nuklease Free Water (Promega), Quick-RNA™ Viral Kit (Zymo Research Corp.), SensiFAST™ cDNA Synthesis Kit (Bioline Reagents Ltd), gel agarosa 1,8%, buffer TAE, SYBR safe DNA Gel Stain (Invitrogen) dan DNA Ladder 100 bp (Vivantis).



Gambar 1 Peta lokasi pengoleksian sampel *Macaca fascicularis* pada Kawasan Arboretum Nyaru Menteng, Kota Palangka Raya.

Pengoleksian sampel dilakukan secara non-invasive dengan mengoleksi sampel feses. Sebelum dilakukan pengambilan sampel dilakukan identifikasi kelompok pada setiap lokasi. Setiap feses yang dikoleksi dibedakan berdasarkan kesegaran, ukuran, bentuk dan warna, dan feses yang ditemukan kurang dari 1.5 m dengan sampel sebelumnya tidak dikoleksi (Hayaishi & Kawamoto, 2006). Pengoleksian sampel dilakukan pada pagi hingga sore hari. Sampel feses dikoleksi dengan teknik swab menggunakan cotton bud steril dan disimpan dalam dua larutan berbeda yang terdiri dari etanol 96% dan media transpor virus (Viral Transport Medium). Pada saat di lapangan sampel disimpan pada kotak pendingin yang berisi ice gel sebelum disimpan di lemari pendingin pada suhu -20°C (Wang & Yao, 2017).

Tabel 1. Urutan D-loop *Macaca fascicularis* dan spesies outgroup diperoleh dari GenBank

Species	Genebank ID	Population
<i>Macaca fascicularis</i> MF1	This research	Nyaru Menteng, Central Kalimantan
<i>Macaca fascicularis</i> MF2	This research	Nyaru Menteng, Central Kalimantan
<i>Macaca fascicularis</i> MF3	This research	Nyaru Menteng, Central Kalimantan
<i>Macaca fascicularis</i> MF4	This research	Nyaru Menteng, Central Kalimantan

<i>Macaca fascicularis</i>	MF893929	Borneo
<i>Macaca fascicularis</i>	MF893928.1	Borneo
<i>Macaca fascicularis</i>	KM851006.1	Borneo
<i>Macaca fascicularis</i>	KM851007.1	Borneo
<i>Macaca fascicularis</i>	MF893951.1	Borneo
<i>Macaca fascicularis</i>	MF893986.1	Peninsular Malaysia
<i>Macaca fascicularis</i>	KM851017.1	Peninsular Malaysia
<i>Macaca mullata</i>	NC_005943.1	Outgroup

Tahapan molekuler dimulai dengan isolasi DNA, amplifikasi, sekuensing DNA dan analisis data

a. Isolasi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan terhadap sampel untuk analisis variasi genetik. Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan QIAamp DNA Stool Mini Kit (QIAGEN Inc., Hilden, Germany). DNA hasil ekstraksi dikuantifikasi dengan menggunakan *NanoDrop Spectrophotometer (Thermoscientific)* untuk diketahui konsentrasinya.

b. Amplifikasi mtDNA D-Loop *Macaca fascicularis*

Amplifikasi sampel DNA dilakukan dengan menggunakan teknik Polymerase Chain Reaction (PCR). Amplifikasi mtDNA D-loop menggunakan primer LqqF (5'-TCCTAGGGCAATCAGAAAGAAAG-3') (Li & Zhang, 2004) dan Saru-5R (5'-GGCCAGGACCAAGCCTATTT-3') (Hayasaka *et al.*, 1991). Formula reaksi PCR ampifikasi mtDNA D-loop terdiri dari 1 µL [10 pmol/µL] masing-masing primer forward dan reverse, 12.5 µL MyTaq™ Red Mix Bioline, 5 µL DNA template, dan ditambahkan 5.5 µL Nuklease Free Water sehingga volume akhir menjadi 25 µL. Amplifikasi menggunakan mesin PCR dimulai dengan denaturasi awal pada suhu 94°C selama 3 menit, kemudian dilanjutkan denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, annealing pada suhu 58 °C selama 30 detik, dan ekstensi pada suhu 72 °C selama 30 detik sebanyak 40 siklus. Ekstensi akhir pada suhu 72 C selama 7 menit. Perbanyakan mtDNA D-loop memiliki ampikon berukuran sekitar 1200 pasang basa (pb).

Visualisasi Produk Amplifikasi dan Sekuensing Produk PCR dianalisis dengan teknik elektroforesis gel agarose 1.8%. Pembuatan gel agarose dilakukan dengan mencampurkan 1.8 g bubuk agarosa kedalam larutan 100 ml buffer Tris Acetic EDTA (TAE) 1%. Larutan dipanaskan hingga larutan terlihat jernih. Kemudian ditambahkan SYBR Safe DNA Stain 10 µL dan dilakukan pengadukan hingga homogen. Produk PCR diletakkan kedalam sumur gel agarosa dan dielektroforesis pada tegangan 100 V selama 45 menit. Hasil elektroforesis divisualisasi menggunakan sinar UV Gel Doc 2000 dengan program Quantity One (BioRad). Produk PCR yang memiliki fragmen pita DNA target yang jelas

selanjutnya dikirim ke 1 st Base Laboratories Sdh Bhd, Malaysia untuk dilakukan sekuensing sehingga diperoleh runutan nukleotida.

c. Analisis Data

Hasil runutan nukleotida atau sekuen DNA dikoreksi dan diedit secara manual berdasarkan gambaran komatogram menggunakan program MEGA7 (Kumar *et al.*, 2016) dan disejajarkan dengan menggunakan ClustalW pada program yang sama. Sekuen yang didapatkan kemudian divalidasi dengan data yang terdapat di GenBank menggunakan program GenBank BLASTn untuk mengidentifikasi kemiripan dengan sekuen rujukan. Program MEGA 7 juga digunakan untuk rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan metode neighborjoining (NJ) dengan 500 kali pengulangan (bootstrap).

HASIL DAN PEMBAHASAN

1.1 Elektroforesis dan kualitas DNA Amplifikasi

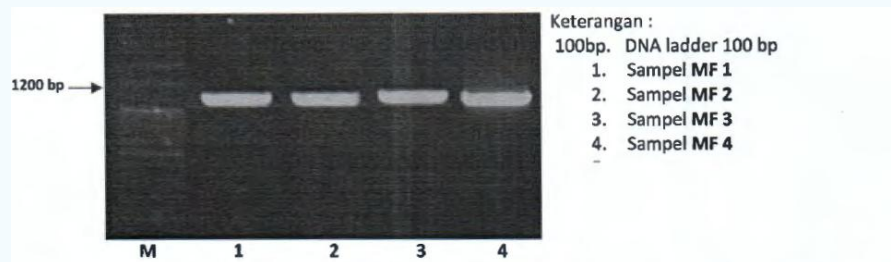
Sampel feses yang dikoleksi terdiri dari empat sampel dari empat individu sebagai preliminary data. Amplifikasi sampel DNA dilakukan dengan menggunakan teknik Polymerase Chain Reaction (PCR). Amplifikasi mtDNA D-loop menggunakan primer LqqF (5'TCCTAGGGCAATCAGAAAGAAAG-3') (Li & Zhang, 2004) dan Saru-5R (5'-GGCCAGGACCAAGCCTATTT-3') (Hayasaka *et al.*, 1991). Keempat sampel menunjukkan konsentrasi yang baik pada rentang 21.5-40.5 ng/Ml dengan kemurnian DNA pada A260/A280 antara 1.58-2.13 (Tabel 2).

Tabel 2. Konsentrasi dan kemurnian DNA dan RNA

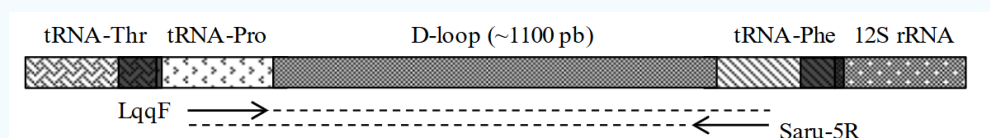
Individu	DNA		RNA	
	[DNA] ng/Ml	A260/A280	[RNA] ng/ μ L	A260/A280
MF1	40.5	2.13	0.81	0.38
MF2	34.5	1.58	0.69	0.44
MF3	21.5	1.71	0.43	0.25
MF4	23.3	1.87	0.47	0.25

Hasil elektroforesis menunjukkan keempat sampel yang teramplifikasi pada 1200 pasang basa dan ditandai dengan pita tebal. Pita tebal menunjukkan bahwa konsentrasi DNA pada keempat sampel feses tersebut bagus (Tabel 2). Hasil elektroforesis menunjukkan pita yang teramplifikasi pada daerah d-loop pada 1200 pasang basa sesuai dengan posisi marker d-loop di mitokondria. Primer yang digunakan yaitu LqqF dan Saru5R menempel pada daerah d-loop dengan besar ukuran 1200 pasang basa (Gambar 4). Daerah d-loop ini digunakan untuk studi

keanekaragaman genetik dan filogenetik spesies *M. fascicularis* di Nyaru Menteng pada penelitian ini.



Gambar 3 Hasil elektroforesis empat sampel *Macaca fascicularis* di Nyaru Menteng.



Gambar 4 Sketsa posisi penempelan primer LqqF dan Saru-5R pada tahapan amplifikasi DNA (Sari *et al.*, 2024)

1.2 Haplotipe empat individu *M. fascicularis* asal Nyaru Menteng

Terdapat perbedaan urutan basa nitrogen pada beberapa situs seperti MF1 berbeda dengan MF2 pada situs ke-11 (G/A), (C/T) pada situs ke-20, (T/C) pada situs ke-463, (G/A) pada situs ke-513, (A/G) pada situs ke-554 dan (C/T) pada situs ke-574. Perubahan urutan basa DNA menunjukkan adanya variasi genetik antar kelompok pada dua kelompok monyet ekor panjang (MEP) di Hutan Kota Nyaru Menteng. Variasi nukleotida yang signifikan diamati di dalam wilayah *Hipervariabel I* (HVI) dari d-loop, khususnya pada urutan 11-574 bp pertama. Hal ini sesuai dengan pernyataan Sari *et al.*, mengenai perubahan haplotipe pada kelompok MEP di daerah Padang yang terjadi perubahan nukleotida pada urutan 530bp pertama dari 1200 bp nukleotida (Sari *et al.*, 2024).

Tabel 3. Situs variasi pada D-loop mtDNA *M. fascicularis* yang ditentukan dalam penelitian ini

Individu	Haplotipe	Posisi variasi nukleotida situs ke-					
		11	20	463	513	554	574
MF1	HP1	G	C	T	G	A	C
MF2	HP2	A	T	C	A	G	T
MF3	HP3	G	C	T	G	A	C
MF4	HP1	G	C	T	G	A	C

1.3 Jarak Genetik (genetik distance) *M. fascicularis* asal Nyaru Menteng

Peruntutan basa nukleotida didukung hasil analisis jarak genetik menggunakan metode *p-distance* menunjukkan variasi intraspesies berkisar antara 0.000-0.014. Keempat individu Nyaru Menteng yang berasal dari dua populasi berbeda memiliki jarak genetik berkisar 0-0.014. Individu MF1 identik dengan MF3 yang menyatakan adanya hubungan maternal berupa ibu dan anak. Jarak genetik yang rendah menunjukkan bahwa individu pada dua kelompok masih tumpang tindih di kawasan yang sama (Tabel 4).

Tabel 4. Jarak genetik menggunakan p-distance populasi Nnyaru Menteng dan data genebank

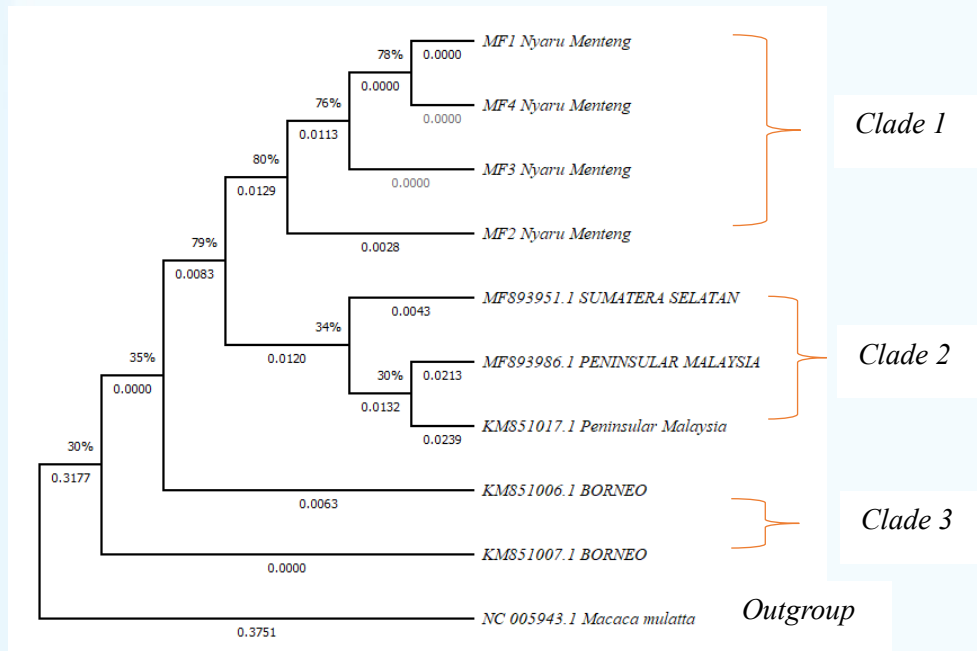
No	Nama	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	MF1_Nyaru_Menteng												
2	MF2_Nyaru_Menteng	0.014											
3	MF3_Nyaru_Menteng	0.002	0.010										
4	MF4_Nyaru_Menteng	0.000	0.010	0.000									
5	MF893929.1_Mf_Borneo	0.040	0.030	0.040	0.040								
6	MF893928.1_Borneo	0.039	0.027	0.038	0.038	0.000							
7	KM851006.1_Borneo	0.039	0.029	0.039	0.039	0.007	0.008						
8	KM851007.1_Borneo	0.033	0.024	0.030	0.029	0.007	0.008	0.000					
9	MF893951.1_Sumatera_Selatan	0.044	0.033	0.044	0.044	0.030	0.034	0.023	0.023				
10	MF893986.1_Peninsular_Malaysia	0.066	0.053	0.065	0.065	0.049	0.051	0.049	0.049	0.038			
11	KM851017.1_Peninsular_Malaysia	0.071	0.065	0.069	0.067	0.047	0.054	0.039	0.055	0.030	0.041		
13	NC_005943.1_Macaca_Mulatta	0.945	0.950	0.957	0.957	0.927	0.888	0.927	0.927	0.951	0.910	0.994	0.961

Analisis jarak genetik yang dikomparasi dengan data genebank menunjukkan bahwa populasi Nyaru Menteng relatif lebih dekat dengan populasi Kalimantan (Borneo MF893928.1) dengan jarak genetik berkisar antara 0.04 hingga 0.39 dan memiliki jarak genetik berkisar 0.04 hingga 0.44 dengan Sumatera Selatan (MF893951.1). Meskipun secara geografis berdekatan dengan Peninsular Malaysia, populasi Nyaru Menteng cenderung memiliki jarak genetik yang lebih tinggi dengan Peninsular Malaysia (Tabel 4).

1.4 Rekonstruksi Pohon Filogenetik *Macaca fascicularis*

Analisis rekontruksi pohon filogenetik dengan metode NJ menunjukkan adanya perbedaan pengelompokan yang jelas pada populasi *Macaca fascicularis* berdasarkan asal geografisnya. Analisis filogenetik menunjukkan tiga clade utama,

yaitu Clade 1 (Nyaru Menteng-sampel dalam penelitian ini), Clade 2 (Sumatera Selatan dan Peninsular Malaysia), serta Clade 3 (Borneo), dengan *Macaca mulatta* sebagai outgroup (Gambar 5). Penggunaan outgroup ini berfungsi untuk memperjelas posisi evolusioner dan menunjukkan bahwa seluruh sampel *M. fascicularis* berada dalam satu kelompok monofiletik yang terpisah dari spesies lain.



Gambar 5 Rekonstruksi pohon filogenetik *M. fascicularis* berdasarkan marka d-loop mtDNA dengan analisis menggunakan metode maximum likelihood 500 replikasi bootstrap.

Pohon filogeni menunjukkan tiga haplotype *M. fascicularis* Nyaru Menteng memiliki persebaran dengan MF1 dan MF4 berkerabat dekat dengan nilai bootstraps 78%, sedangkan MF3 berkerabat dengan MF1 dan MF4 dengan nilai bootstraps 85. MF 1 dan MF2 merupakan populasi kelompok 1, sedangkan MF3 dan MF4 merupakan populasi kelompok 2. Hal ini menunjukkan bahwa persebaran MEP di Nyaru Menteng pada dua kelompok ini masih memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hasil analisis DNA mitokondria d-loop dari empat sampel menunjukkan tiga haplotype yang ditunjukkan dengan persebaran *M. fascicularis* berdasarkan pohon filogeni (Gambar 5). Analisis filogeni dengan metode maximum likelihood sebanyak 500 replikasi menunjukkan individu MF1 dan MF4 berada pada satu kelompok dengan Peninsular Malaysia dan Sumatera. MF1 dan MF4 merupakan individu yang memiliki runutan basa nukleotida DNA Mitokondria yang sama sehingga memiliki haplotype yang sama. DNA mitokondria bersifat

haploid dan diwariskan dari satu garis keturunan ibu. Haplotipe yang sama dan identik menunjukkan individu yang berasal dari keturunan dengan nenek moyang yang sama (Freeland *et al.*, 2007)

Hubungan kekerabatan intraspesifik *M. fascicularis* telah pernah dikaji sebelumnya terhadap populasi yang berada di kawasan daratan utama Asia, pulau-pulau besar di Kepulauan Sunda dan Filipina (Sari *et al.*, 2024). Filogenetik *M. fascicularis* berdasarkan biogeografi terbagi menjadi dua kluster utama, yaitu kluster kontinental dari dataran indocina dan kluster insular (Tosi *et al.*, 2003). Sampel yang digunakan pada penelitian tersebut tidak meliputi populasi yang berada di kawasan Barat Sumatera namun topologi pohon filogenetik membentuk dua klade utama. Sampel *M. fascicularis* Nyaru Menteng monofiletik dengan populasi Sumatera dan Peninsular Malaysia, sedangkan populasi Borneo mengelompok pada klade lainnya (Gambar 3). Berdasarkan filogeni, adanya jalur distribusi yang menandakan bahwa individu MEP Nyaru Menteng berasal dari populasi Sumatera dan Peninsular Malaysia kemudian terisolasi membentuk kelompok tersendiri yang berbeda dengan populasi Borneo.

MF1-MF4 berada dalam klade 1 mengindikasikan bahwa individu-individu dalam kelompok ini memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dan tingkat variasi genetik yang rendah. Kondisi ini kemungkinan disebabkan oleh isolasi populasi, ukuran populasi yang terbatas, atau adanya inbreeding. Variasi genetik pada antar spesies di Hutan Kota Nyaru Menteng menunjukkan variasi yang rendah, hal ini mengindikasikan jumlah kelompok yang sangat banyak dan ruang persebaran yang kecil. Variasi genetik yang rendah pada kelompok monyet ekor panjang (MEP) Nyaru Menteng menunjukkan bahwa kedua kelompok masih saling terhubung dan memiliki daerah jelajah wilayah yang sama. Kawasan Hutan Kota Nyaru Menteng terisolasi dengan adanya pembangunan wisata sehingga pergerakan MEP terbatas. Populasi yang sangat banyak (30-60 ekor) per kelompok menyebabkan terjadinya perebutan makanan dan pohon tidur. Adanya pembangunan menyebabkan terjadinya isolasi pada hutan kota. Namun, isolasi geografis menyebabkan adanya perbedaan variasi genetik yang sangat jauh. Kondisi ekowisata Hutan Kota Nyaru Menteng memiliki aktivitas *provisioning* (pemberian pakan oleh manusia) di mana beberapa individu secara sengaja mengunjungi lokasi tersebut, sementara yang lain hanya singgah dalam waktu singkat. Pemberian pakan kepada kelompok MEP diketahui mempengaruhi pola jelajah (*home range*) mereka, sebagaimana ditunjukkan oleh berbagai studi yang membandingkan luas wilayah jelajah antar kelompok. Sebagai contoh, penelitian di Taman Nasional Baluran menunjukkan bahwa kelompok yang memperoleh akses makanan dari manusia memiliki wilayah jelajah sekitar 23 kali lebih kecil (10,62

ha) dibandingkan dengan kelompok yang tidak memperoleh akses pakan dari manusia (249,90 ha) (Hansen, 2022; Sari *et al.*, 2024)

Daerah jelajah yang terbatas mempengaruhi adanya indikasi inbreeding jika tidak dilakukan penanggulangan / manajemen populasi di Hutan Kota Nyaru Menteng dengan baik. Menurut Wandia, (2001), pembangunan infrastruktur yang ada di sekitar lokasi Gunung Pusuk seperti pemukiman memungkinkan populasi Gunung pusuk menjadi terisolasi dari populasi lainnya sehingga pejantan dewasa subdominan yang menjadi jembatan genetik dari populasi lain ke populasi Gunung Pusuk tidak dapat bermigrasi (Meus *et al.*, 2019).

Begitu halnya dengan Hutan Kota Nyaru Menteng, pembangunan fasilitas memungkinkan terjadinya populasi terkelompok semakin kecil yang mempengaruhi potensi inbreeding. Rendahnya keragaman genetik ini penting untuk diperhatikan karena dapat memengaruhi kemampuan adaptasi populasi terhadap perubahan lingkungan (Sari *et al.*, 2024).

Perlunya dilakukan manajemen konservasi berupa peringatan untuk tidak memberi makan pada hutan kota Nyaru Menteng. Usaha ini dilakukan untuk mengurangi konflik antara MEP dengan pengunjung wisata agar tidak terjadi penularan penyakit zoonosis dari satwa ke manusia dan sebaliknya. Tidak memberi makan juga dilakukan untuk mendukung perilaku alami dari MEP di habitat aslinya. Analisis genetik dapat digunakan dalam manajemen populasi berdasarkan rekomendasi variasi genetik pada populasi MEP di Hutan Kota Nyaru Menteng. Kedepannya diperlukan analisis lebih lanjut yaitu persebaran di seluruh Kalimantan dan perbandingan haplotipe Asia Tenggara dan Mauritius yang terpencil untuk pemeriksaan lebih lanjut tentang kemungkinan efek pendiri dan struktur genetik (Nikzad *et al.*, 2014). Penelitian yang dilakukan mendukung konservasi MEP di Hutan Kota Nyaru Menteng dan sekitar pemukiman. Hasil analisis diharapkan dapat dijadikan sebagai data awal dalam penelitian lebih lanjut mengenai variasi genetik.

KESIMPULAN

Hasil penelitian menunjukkan bahwa Monyet Ekor Panjang (MEP) yang ada di Hutan Kota Nyaru Menteng memiliki variasi genetik yang rendah dan berada dalam 1 kluster besar. Hal ini mengindikasikan adanya persebaran pada kawasan sempit dan perlu dilakukannya manajemen populasi. MF1 dan MF4 berasal dari populasi yang sama dengan nilai kekerabatan 85%, dan masih berada dalam satu clade dengan MF3 dan MF2. Jarak genetik berkisar antara 0-0,44 pada keempat individu. Variasi genetik pada antar spesies di Hutan Kota Nyaru Menteng

menunjukkan variasi yang rendah, hal ini mengindikasikan jumlah kelompok yang sangat banyak dan ruang persebaran yang kecil.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai oleh hibah BIPA FMIPA Universitas Palangka Raya tahun 2024. Kami ucapkan terima kasih juga kepada Dinas Kehutanan Provinsi Kalimantan Tengah atas perizinan dan BKSDA Kalimantan Tengah yang telah mengurus administrasi penelitian dan pengiriman sampel.

DAFTAR PUSTAKA

- da Silva, M. J. F., & Bruford, M. W. (2017). Genetics and Primate Conservation. In *The International Encyclopedia of Primatology* (pp. 1–6). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119179313.wbprim0199>
- Farias, I. P., Santos, W. G., Gordo, M., & Hrbek, T. (2015). Effects of Forest Fragmentation on Genetic Diversity of the Critically Endangered Primate, the Pied Tamarin (*Saguinus bicolor*): Implications for Conservation. *Journal of Heredity*, 106(S1), 512–521. <https://doi.org/10.1093/jhered/esv048>
- Freeland, John Wiley, & Sons, L. (2007). Molecular Ecology. *Ecological Engineering*, 30(3), 297–298. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2007.02.003>
- Hansen, M. F. (2022). *Macaca fascicularis*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2022: e.T12551A199563077. <https://doi.org/10.2305/IUCN.UK.2022-1.RLTS.T12551>. .
- Hayaishi, S., & Kawamoto, Y. (2006). Low genetic diversity and biased distribution of mitochondrial DNA haplotypes in the Japanese macaque (*Macaca fuscata yakui*) on Yakushima Island. *Primates*, 47(2), 158–164. <https://doi.org/10.1007/s10329-005-0169-1>
- Hayasaka, K., Ishida, T., & Horap, S. (1991). Heteroplasmy and Polymorphism in the Major Noncoding Region of Mitochondrial DNA in Japanese Monkeys: Association with Tandemly Repeated Sequences'. *Molecular Biology and Evolution*, 4(8), 399–415. <https://doi.org/10.1093/molbev/a040660>
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Li, & Zhang, Y. (2004). A Molecular Phylogeny of *Macaca* Based on Mitochondrial Control Region Sequences. *Zoological Research*, 5(25), 385–390.
- Liu, Z., Liu, G., Roos, C., Wang, Z., Xiang, Z., Zhu, P., Wang, B., Ren, B., Shi, F., Pan, H., & Li, M. (2015). Implications of genetics and current protected areas

- for conservation of 5 endangered primates in China. *Conservation Biology*, 29(6), 1508–1517. <https://doi.org/10.1111/cobi.12581>
- Meus, F. T. M., Wandia, I. N., & Suatha, I. K. (2019). Variasi Genetik Lokus Mikrosatelit D7S1789 pada Populasi Monyet Ekor Panjang di Gunung Pusuk Lombok Barat. *Buletin Veteriner Udayana*, 182. <https://doi.org/10.24843/bulvet.2019.v11.i02.p11>
- Nikzad, S., Tan, S. G., Yong Seok Yien, C., Ng, J., Alitheen, N. B., Khan, R., Rovie-Ryan, J. J., Valdiani, A., Khajeaian, P., & Kanthaswamy, S. (2014). Genetic diversity and population structure of long-tailed macaque (*Macaca fascicularis*) populations in Peninsular Malaysia. *Journal of Medical Primatology*, 43(6), 433–444. <https://doi.org/10.1111/jmp.12130>
- Rahmawati, I. (2014). Potensi Gangguan Monyet Ekor Panjang (*Macaca fascicularis* Raffles, 1821) Ditengah Upaya Pelestarian Satwa pada Habitat yang Didominasi Manusia. In *Institut Pertanian Bogor* (Number July, pp. 1–100).
- Sari, R. M., Saepuloh, U., Rizaldi, & Perwitasari-Farajallah, D. (2024). Genetic Variability of the Long-Tailed Macaque (*Macaca fascicularis*) Populations in Urban Habitat in Padang City, West Sumatra, Indonesia. *HAYATI Journal of Biosciences*, 31(2), 392–403. <https://doi.org/10.4308/hjb.31.2.392-403>
- Sha, J. C. M., & Hanya, G. (2013). Diet, Activity, Habitat Use, and Ranging of Two Neighboring Groups of Food-Enhanced Long-Tailed Macaques (*Macaca fascicularis*). *American Journal of Primatology*, 75(6), 581–592. <https://doi.org/10.1002/ajp.22137>
- Shiina, T., Tanaka, K., Katsuyama, Y., Otabe, K., Sakamoto, K., Kurata, M., Nomura, M., Yamanaka, H., Nakagawa, H., Inoko, H., & Ota, M. (2010). Mitochondrial DNA Diversity among Three Subpopulations of Cynomolgus Macaques (*Macaca fascicularis*) Originating from the Indochinese Region. In *Exp. Anim* (Vol. 59, Number 5). <http://www.megasoftware>.
- Tosi, A. J., Morales, J. C., & Melnick, D. J. (2003). Paternal, Maternal, and Biparental Molecular Markers Provide Unique Windows onto the Evolutionary History of Macaque Monkeys. In *Evolution* (Vol. 57, Number 6).
- Wang, W., & Yao, M. (2017). Fine-scale genetic structure analyses reveal dispersal patterns in a critically endangered primate, *Trachypithecus leucocephalus*. *American Journal of Primatology*, 79(5), 1–10. <https://doi.org/10.1002/ajp.22635>
- Zhong, L. J., Zhang, M. W., Yao, Y. F., Ni, Q. Y., Mu, J., Li, C. Q., & Xu, H. L. (2013). Genetic diversity of two Tibetan macaque (*Macaca thibetana*) populations from Guizhou and Yunnan in China based on mitochondrial DNA D-loop sequences. *Genes and Genomics*, 35(2), 205–214. <https://doi.org/10.1007/s13258-012-0048-2>