

CONSERVATION GENETICS OF THE BORNEAN ELEPHANT (*Elephas maximus*) IN SABAH

NURZHAFARINA BINTI OTHMAN



PERPUSTAKAAN
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

UMS

UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

**INSTITUTE FOR TROPICAL BIOLOGY AND
CONSERVATION**

UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

2010

**CONSERVATION GENETICS OF THE BORNEAN
ELEPHANT (*Elephas maximus*) IN SABAH**

NURZHAFARINA BINTI OTHMAN

**THESIS SUBMITTED IN FULFILLMENT FOR THE
DEGREE OF MASTER OF SCIENCE**



UIMS
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

**PERPUSTAKAAN
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH**

**INSTITUTE FOR TROPICAL BIOLOGY AND
CONSERVATION**

UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

2010

ABSTRACT

CONSERVATION GENETICS OF THE BORNEAN ELEPHANT (*Elephas maximus*) IN SABAH

The Bornean elephant was claimed to be native to Borneo since its Pleistocene migration; when the Sunda shelf was exposed allowing the migration of elephants from mainland Asia to the Bornean landmass. As the sea levels eventually raised creating Borneo as an island, this population is now isolated from other Asian elephant populations. It therefore is crucial to have an idea on its genetic diversity to ensure the best conservation and management plan on this species. Previous study showed that the Bornean elephant has low genetic diversity to be compared to other Asian elephant population and this work is meant to relook at the issue by both increasing the number of samples and expanding the sampling area through all of its known range in Borneo. From 2005 to 2007, 779 dung samples have been collected from all elephant ranges in Sabah, mainly in the Lower Kinabatangan floodplain, Tabin Wildlife Reserve, Maliau Basin, and the forest reserves of Deramakot, Ulu Segama-Malua, Kalabakan, Gunung Rara and Kuamut. DNA were extracted from 90% of the samples. Forty seven dung samples have been sequenced using the same fragment of mitochondrial DNA than was previously used in a joint study by Columbia University, Sabah Wildlife Department and WWF-Malaysia. Only one haplotype was found, which might indicate that this population was introduced to the Borneo Island. A total of 289 dung samples were genotyped for 18 nuclear markers to identify individuals and characterised the genetic diversity within and the genetic differentiation between sub-populations in Sabah. Results showed that there is a very low genetic diversity in the Bornean elephant population, with a mean number of alleles (MNA) per locus of two, a mean expected of 0.30 and a mean observed heterozygosity of 0.21. Lower Kinabatangan showed the highest genetic diversity (MNA= 3.3) and Maliau Basin has the lowest genetic diversity (MNA= 1.6). Based on the genetic results from this study and the historical events as elucidated by Cranbrook *et al.* (2008), I propose a new revision of Fernando *et al.* (2003b) which claims that the Asian elephant in Borneo is native to the island. I discuss these results and put them in a broader context of population management and conservation.

ABSTRAK

Gajah Borneo telah dikatakan wujud di Borneo setelah bermigrasi dari tanah besar Asia ke kepulauan Borneo sewaktu Pentas Sunda terdedah pada zaman Pleistocene. Setelah air laut meningkat menjadikan Borneo sebagai suatu kepulauan, populasi gajah ini telah terencil daripada populasi gajah Asia yang lain. Oleh itu, maklumat berkaitan kepelbagaian genetik amat penting untuk diketahui bagi memastikan perancangan terbaik dalam memulihara dan mengurus spesies ini. Kajian sebelum ini menunjukkan bahawa gajah Borneo mempunyai kepelbagaian genetik yang rendah jika dibandingkan dengan populasi gajah Asia yang lain. Maka, kajian kali ini adalah untuk memastikan isu ini dengan menambahkan jumlah sampel dan memperluaskan kawasan persampelan meliputi kesemua banjaran taburan populasi gajah di Borneo. Bermula dari 2005 hingga 2007, 779 sampel tahi gajah telah dikutip daripada keseluruhan banjaran taburan populasi gajah di Sabah iaitu Lembangan Sungai Kinabatangan, Hutan Simpan Hidupan Liar Tabin, Lembangan Maliau, Hutan Simpan Deramakot, Ulu-Segama Malua, Kalabakan, Gunung Rara dan Kuamut. DNA telah diekstrak daripada 90% sampel tahi gajah yang telah dikutip dimana 47 sampel tahi telah diujuk dengan menggunakan bahagian mitokondria DNA yang sama seperti yang telah digunakan oleh kajian sebelum ini yang telah dijalankan oleh Columbia University, Jabatan Hidupan Liar dan WWF-Malaysia. Keputusan yang diperolehi adalah sama dengan keputusan kajian sebelum ini iaitu gajah Borneo mempunyai jujukan mitokondria yang unik bagi gajah Asia. Manakala, dengan menggunakan 18 penanda DNA nukleus, sebanyak 289 sampel tahi gajah telah digunakan bagi tujuan identifikasi individu, kajian diversiti genetik bagi setiap populasi dan meneliti perbezaan kandungan genetik di antara sub-populasi gajah di Sabah. Keputusan menunjukkan bahawa gajah Borneo mempunyai aras diversiti genetik yang sangat rendah dengan purata jumlah alel adalah dua bagi setiap lokus, purata bagi heterozigositi yang dijangka adalah 0.30 dan purata bagi heterozigositi yang dicerap adalah 0.21. Populasi gajah di Lembangan Sungai Kinabatangan mempunyai diversiti genetik yang tertinggi ($MNA = 3.3$) manakala Lembangan Maliau mempunyai diversiti genetik yang terendah ($MNA = 1.6$). Berdasarkan keputusan yang diperolehi di dalam kajian ini dan kesan-kesan sejarah seperti yang diterangkan oleh Cranbrook et al. (2008), maka saya mencadangkan agar pendirian Fernando et al. (2003b) yang mengatakan bahawa gajah Asia di Pulau Borneo berasal dari pulau ini patut dikaji semula. Keputusan yang telah diperolehi telah dibincangkan yang mana turut meliputi aspek pengurusan dan pemuliharaan gajah Borneo di Sabah.