

INTISARI

IDENTIFIKASI MOLEKULER KUSKUS (Phalangeridae) ASAL MALUKU DENGAN GEN PENYANDI NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 6

Yosephina Leto Lapilia

Maluku tergolong ke dalam kesatuan biogeografi Wallacea yang memiliki kekayaan flora dan fauna yang sangat beragam dan unik. Salah satu fauna asal Maluku adalah kuskus. Kuskus merupakan mamalia berkantung (*marsupial*), *nocturnal* dan memiliki ekor *prehensile*, masuk dalam famili Phalangeridae, yang persebarannya terbatas di Australia, Papua New Guinea, dan Indonesia bagian timur (Sulawesi, Maluku, Papua, dan Pulau Timor). Identifikasi kuskus berdasarkan perbedaan ciri fenotip dinilai belum cukup optimal untuk membedakan spesies kuskus oleh karena itu perlu dilakukan identifikasi secara molekuler sehingga usaha konservasi dan identifikasi spesies dapat tepat dan berhasil. Tujuan penelitian ini untuk mengidentifikasi kuskus asal Maluku berdasarkan sekuen gen ND6 dan mengetahui keragaman genetik gen ND6 mitokondria pada kuskus asal Maluku.

Sampel DNA total diisolasi dari potongan jaringan *musculus biceps femoris* 13 kuskus yang berasal dari delapan daerah di Maluku yaitu Pulau Ambon, Pulau Seram, Pulau Tobelo, Pulau Geser, Pulau Gorom, Pulau Haruku, Pulau Lakor, dan Kepulauan Manipa. Hasil isolasi DNA total kemudian diamplifikasi menggunakan primer ND 6 F dan ND 6 R dengan metode PCR. Hasil amplifikasi kuskus asal Maluku diperoleh panjang fragmen DNA sebesar 837 nt, sedangkan hasil analisis sekuen menggunakan program MEGA versi 7.0 diperoleh sekuen nukleotida sepanjang 504 nukleotida penyusun gen ND6. Hasil sekuensing tersebut selanjutnya dianalisis dan dibandingkan dengan Phalangeridae lain dari *Genbank*.

Hasil analisis menunjukkan bahwa terdapat 85 situs nukleotida dan 24 situs asam amino yang dapat digunakan sebagai penanda genetik antara sampel kuskus dengan *Phalanger vestitus* dan *Spilocuscus maculatus*. Analisis filogram menggunakan metode *Neighbor - Joining* (NJ) dengan *Bootstrap* 1000x berdasar sekuen nukleotida gen ND6 menunjukkan bahwa sampel kuskus asal Maluku terdiri dari *Phalanger sp.* dan *S. maculatus* dengan jarak genetik paling kecil 0% dan paling besar 26,5%.

Kata kunci : Kuskus, gen ND6, sekuensing, nukleotida.

ABSTRACT

IDENTIFICATION OF MOLECULAR CUSCUS (Phalangeridae) FROM MALUKU BASED ON NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 6 GENE SEQUENCES

Yosephina Leto Lapilia

Maluku belongs to Wallacea's biogeographic entity which has a wealth of diverse and unique flora and fauna. One of the fauna of Maluku is cuscus. Cuscus is a marsupial mammal (Phalangeridae), nocturnal and prehensile tail which has limited spread in Australia, Papua New Guinea, and eastern Indonesia (Sulawesi, Maluku, Papua, and Timor Island). Identification of cuscus based on differences in phenotype characteristics is considered not optimal enough to distinguish species of cuscus, therefore it is necessary to identify molecularly so that conservation and species identification can be appropriate and successful. This study aimed to identify the origin of Maluku cuscus based on sequences of the ND6 gene and knows genetic diversity gene ND6 mitochondrial in cuscus from Maluku.

Total DNA samples isolated from the 13 muscle tissue *biceps femoris* cuscus origin of the eight regions in Maluku namely Ambon Island, Seram Island, Tobelo Island, Geser Island, Gorom Island, Haruku Island, Lakor Island and Manipa Islands. Total DNA isolation results were then amplified using primary ND 6 F and ND 6 R by PCR method. The result of cuscus amplification from Maluku was obtained by length of DNA fragment 837 nt, while sequence analysis using MEGA version 7.0 program obtained nucleotide sequence along 504 nucleotide ND6 gene. The sequencing results are further analyzed and compared with other Phalangeridae from Genbank.

The analysis showed that there were 85 nucleotide sites and 24 amino acid sites that could be used as genetic markers between the samples cuscus with *Phalanger vestitus* and *Spilocuscus maculatus*. Filogram analysis using Neighbor-Joining (NJ) method with Bootstrap 1000x based ND6 gene nucleotide sequence showed that the Maluku cuscus sample consisted of *Phalanger sp.* and *S. maculatus* with the smallest genetic distance 0% and the highest 26.5%.

Keywords: Cuscus, ND6 gene, sequencing, nucleotides.