

ABSTRAK

ANALISIS FILOGENETIK KUSKUS (Phalangeridae) ASAL PAPUA BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI NADH Dehidrogenase SUBUNIT 6 (ND6)

Anisa Dwi Puspita

Kuskus merupakan marsupialia famili Phalangeridae endemik di Indonesia. Keberadaan kuskus di alam sudah terancam punah akibat perburuan dan kerusakan habitat. Konservasi menjadi salah satu cara untuk menjaga keberadaan kuskus di alam. Identifikasi kuskus hanya dengan ciri morfologi sulit dilakukan. Oleh karena itu, perlu identifikasi kuskus secara genetik. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kuskus asal beberapa daerah di Papua menggunakan gen penyandi NADH dehidrogenase subunit 6.

Sampel kuskus berjumlah sembilan, yaitu sampel Moor Nabire (MN3), Yaro Nabire (III), Wanggar Nabire (WANGGAR A), Wanggar Nabire (II.), Topo Nabire (I.), Sentani Totol (TSP), dan Nabire (B), Nabire (IA), dan Nabire (IIB). Sampel diisolasi dan diamplifikasi menggunakan primer *forward* dan *reverse* masing-masing ND6KUSF dan ND6KUSR. Produk PCR (798 bp) disekuensing menghasilkan 504 nt dan dianalisis keragaman genetik antar spesies dengan spesies kuskus lain menggunakan program MEGA versi 7.0.26. Spesies pembanding diperoleh dari *Genbank*.

Berdasarkan gen ND6, kuskus asal Papua teridentifikasi dari kelompok *Spiloglossus* dan *Phalanger*. Sampel kuskus Nabire Totol, Topo Nabire Totol dan Sentani Totol teridentifikasi sebagai *S. maculatus* dengan jarak genetik terhadap *S. maculatus* (*Genbank*) sebesar 0,4-1,2%. Sampel kuskus Yaro Nabire, Wanggar Nabire dan Moor Nabire teridentifikasi sebagai *Phalanger sp.* dengan jarak genetik sebesar 6,7% terhadap *P. vestitus* (*Genbank*).

Kata kunci: kuskus, Papua, gen ND6, sekuensing

ABSTRACT

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF CUSCUS FROM PAPUA BASED ON NADH Dehydrogenase SUBUNIT 6 (ND6) GENE SEQUENCES

Anisa Dwi Puspita

Cuscuses is endemic marsupial in Indonesia from family Phalangeridae. The existence of cuscuses in nature threatened to extinct due to hunting and habitat destruction. One way to maintain the existence cuscuses in nature is conservation. The morphological identification of cuscuses is difficult. Therefore, genetic identification is necessary. This research aim was to identify cuscuses from some areas in Papua using NADH dehydrogenase subunit 6 gene.

Nine samples of cuscus, they are Moor Nabire (MN3), Yaro Nabire (III), Wanggar Nabire (WANGGAR A), Wanggar Nabire (II.), Topo Nabire (I.), Sentani Totol (TSP), Nabire (B), Nabire (IA), and Nabire (IIB). The sample was isolated and the DNA was amplified using primer ND6KUSF as forward primer and ND6KUSR as reverse primer. The product of PCR (798 bp) then sequenced and produce 504 nt ND6 gene, then analyzed using MEGA version 7.0.26. Comparative species were obtain from Genbank.

Based on ND6 gene, cuscuses from Papua consist of group *Spilocuscus* and *Phalanger*. Cuscus sample Nabire Totol, Topo Nabire Totol and Sentani Totol were identified as *S. maculatus* with genetic distance 0,4-1,2% to *S. maculatus* (Genbank). Cuscus samples Yaro Nabire, Wanggar Nabire and Moor Nabire identified as *Phalanger* sp. with genetic distance 6,7% to *P. vestitus* (Genbank).

Keywords: cuscus, Papua, ND6 gene, sequencing