

INTISARI

IDENTIFIKASI MOLEKULAR KUSKUS (Phalangeridae) ASAL MALUKU BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI 16S rRNA

Richo Apriladi Bagas Pradana

Kuskus sebagai satwa endemik di Kepulauan Maluku jumlahnya terus mengalami penurunan populasi akibat perburuan. Salah satu cara untuk melestarikannya ialah melalui usaha konservasi. Identifikasi yang dilakukan secara morfologi relatif sulit sehingga perlu dilakukan identifikasi lebih akurat secara molekular. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kuskus asal Maluku berdasarkan sekuen gen penyandi 16S rRNA dan mengetahui kekerabatannya dalam familia Phalangeridae.

Sampel kuskus asal Maluku sebanyak 11 sampel berasal dari P.Haruku, P.Ambon, P.Geser, P.Seram, P.Gorong dan daerah Tobelo. Sampel diisolasi DNA, kemudian diamplifikasi dengan teknik PCR. Produk PCR (1872 bp) disekuensing. Hasil sekuensing gen 16S rRNA (1565 bp) dianalisis keragaman genetik antar spesies kuskus lain dari Genbank menggunakan program MEGA 7.0.

Kuskus asal Maluku tergolong dalam dua genus, yaitu *Spilocuscus* dan *Phalanger*. Kuskus Soya P.Ambon, Tobelo Maluku, Alang Ambon Kelabu, dan P.Seram Selatan Total teridentifikasi sebagai *Spilocuscus maculatus* dengan jarak genetik 0 – 1%. Kuskus Maluku Totol, Maluku P.Haruku, P.Seram Utara Putih, P.Geser Maluku Putih, P.Gorong Putih, P.Ambon Larike Coklat Garis Hitam dan Lakor Coklat teridentifikasi sebagai *Phalanger vestitus* dengan jarak genetik 2% – 3%. Terdapat 16 situs nukleotida yang berbeda pada sampel kuskus Tobelo Maluku, P.Seram Selatan Totol, Soya P.Ambon Maluku, Alang Ambon Kelabu terhadap *Spilocuscus maculatus*. Pada kuskus Maluku Totol, Maluku P.Haruku, P.Seram Utara Putih, P.Geser Maluku Putih, P. Gorong Putih, P.Ambon Larike Coklat Garis Hitam, Lakor Coklat terdapat 40 situs nukleotida yang berbeda terhadap *Phalanger vestitus*.

Kata kunci: gen 16S rRNA, kuskus, *Phalanger*, *Spilocuscus*, PCR

ABSTRACT

MOLECULAR IDENTIFICATION OF CUSCUS (Phalangeridae) FROM MALUKU BASED ON 16S rRNA GENE SEQUENCES

Richo Apriladi Bagas Pradana

Cuscus as Kepulauan Maluku's endemic animals is experiencing population decrease due to the hunting. One solution to preserve, was through conservation efforts. Morphological identification was relatively a bit difficult so there should be more accurate and molecular identification needed. This research was aimed to identify Maluku cuscus based on a sequence of 16S rRNA encoding gene and to find out its genetic relationship in Phalangeridae family.

The sample of Maluku cuscus consist of 11 samples from P.Haruku, P.Ambon, P.Geser, P.Seram, P.Gorong and Tobelo area. The sample was isolated by DNA, then amplified with PCR technique. PCR product (1872 bp) was sequenced. The 16S rRNA (1565 bp) gene sequencing result analyzed for its genetic diversity among other cuscus species from Genbank using MEGA 7.0 program.

Maluku Cuscus belongs to two genuses, *Spilocuscus* and *Phalanger*. Cuscus of Soya P.Ambon, Tobelo Maluku, Alang Ambon Kelabu, and P.Seram Selatan Total were identified as *Spilocuscus maculatus* with genetic distance 0 – 1%. Cuscus Maluku Total, Maluku P.Haruku, P.Seram Utara Putih, P.Geser Maluku Putih, P.Gorong Putih, P.Ambon Larike Coklat Garis Hitam and Lakor Coklat identified as *Phalanger vestitus* with genetic distance 2 – 3%. There were 16 different nucleotide sites in the sample of Cuscus of Tobelo Maluku, P.Seram Selatan Total, Jaya P.Ambon Maluku, Alang Ambon Kelabu from *Spilocuscus maculatus*. In Cuscus of Maluku Total, Maluku P.Haruku, P.Seram Utara Putih, P.Geser Maluku Putih, P. Gorong Putih, P.Ambon Larike Coklat Garis Hitam, Lakor Coklat there are 40 nucleotide sites different from *Phalanger vestitus*.

Keyword: gene 16S rRNA, cuscus, *Phalanger*, *Spilocuscus*, PCR