

## INTISARI

### IDENTIFIKASI MOLEKULER KUSKUS (Phalangeridae) ASAL PAPUA BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI *NADH Dehydrogenase 4 L*

**Raditya Pramono Handoko**

Indonesia dikenal memiliki beragam flora fauna, namun beberapa diantaranya terancam punah. Salah satu satwa endemik Papua yang terancam punah akibat perburuan serta perdagangan yang tidak terkontrol adalah kuskus. Berbagai upaya seperti konservasi telah dilakukan untuk pelestarian kuskus. Konservasi berdasarkan pada morfologi relatif sulit sehingga diperlukan upaya lain yaitu identifikasi pada tingkat molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kuskus asal Papua pada tingkat molekuler berdasar sekuen gen *NADH Dehydrogenase 4L* (ND4L) serta mengetahui kekerabatannya dengan kuskus lain dalam famili Phalangeridae.

Delapan sampel *m.biceps femoris* kuskus asal Papua diisolasi DNA, yaitu Wanggar Nabire, Yaro Nabire, Nabire, Topo Nabire dan Pulau Sentani. DNA total diamplifikasi dengan teknik PCR menggunakan primer ND34L-Forward dan ND34L-Reverse. Produk PCR sebesar 1035 bp kemudian disekuensing. Hasil sekuensing gen ND4L (297 nt) kemudian dianalisis keragaman genetik dengan spesies kuskus lain dari *Genbank* menggunakan program MEGA versi 6.06.

Hasil analisis menyatakan sekuen gen ND4L tidak dapat dijadikan sebagai penanda genetik karena sekuen nukleotida dan asam amino yang tidak beragam. Didapatkan hasil analisis kuskus asal Papua terdiri dari kelompok *Spilocuscus* dan *Phalanger*. Sampel kuskus Wanggar Nabire Kelabu Tua (2.) kemungkinan digolongkan dalam genus *Phalanger* dengan jarak genetik 7,9%, memiliki 22 situs nukleotida, dan 1 asam amino yang berbeda. Sampel kuskus Wanggar Nabire Cokelat Garis Hitam (4.), Yaro Nabire Cokelat Garis Hitam (3.), Topo Nabire Total (1.), Nabire Total (Papua IB), Nabire Total (Papua IIB), Nabire Total (Papua Lama A), Pulau Sentani Total (Total Sentani 3') teridentifikasi sebagai *Spilocuscus maculatus* dengan jarak genetik 0,3%, memiliki 1 situs nukleotida yang berbeda serta tidak ada perbedaan asam amino.

**Kata kunci:** PCR, sekuensing, kuskus, Phalangeridae, ND4L

---

## ABSTRACT

### MOLECULAR IDENTIFICATION OF CUSCUS (Phalangeridae) FROM PAPUA BASED ON *NADH DEHYDROGENASE 4L* GENE SEQUENCES

**Raditya Pramono Handoko**

Indonesia was known for having large variety of flora fauna, but some of them was almost extinct. One of Papua's endemic animal which treated extinct because of over hunting and uncontrol trade is Cuscus. Conservation based on morfology relatively hard, so we need another effort, it's molecular identification. The main objective of this research is to identify Cuscus from any region in Papua on molecular level based on *NADH Dehydrogenase 4L* (ND4L) gene sequence and to understand genetic relationship with another Cuscus in Phalangeridae family.

DNA was isolated from eight samples from Papua. Isolated DNA then amplified with *Polymerase Chain Reaction* (PCR) technic with ND4L primer. The PCR's product (1035 bp) then sequencing. The sequencing result then analyze the genetic variety among other Cuscus species from *Genebank* using MEGA version 6.06.

The analysis's result based on ND4L gene sequence (297 nt) show that Cuscus from Papua consist of *Spilocuscus* and *Phalanger* group. Sample of Cuscus Wanggar Nabire Kelabu Tua (2.) were identified as genus *Phalanger* with 7,9% genetic distance, 22 different nucleotides and 1 different amino acid. Sample of Cuscus Wanggar Nabire Cokelat Garis Hitam (4.), Yaro Nabire Cokelat Garis Hitam (3.), Topo Nabire Total I (1.), Nabire Total (Papua IB), Nabire Total II (Papua IIB), Nabire Total A (Papua Lama A) and Sentani Island (Total Sentani 3') were identified as *Spilocuscus maculatus* with 0,3% genetic distance, 1 different nucleotide and have no different amino acid.

**Keywords:** PCR, sequencing, Cuscus, Phalangeridae, ND4L

---

