

INTISARI

IDENTIFIKASI MOLEKULER KUSKUS (Phalangeridae) ASAL PAPUA BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI 12S *ribosomal* RNA

Nana Yunitasari

Kuskus merupakan mamalia berkantong endemik di Papua, Papua New Guinea dan Australia yang populasinya menurun akibat perburuan di habitat alamnya sehingga diperlukan usaha konservasi untuk pelestariannya. Identifikasi kuskus sulit dilakukan karena morfologinya yang bervariasi, sehingga untuk keberhasilan konservasinya perlu dilakukan identifikasi pada tingkat genetik molekuler. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi kuskus asal Papua pada tingkat molekuler berdasarkan sekuen gen penyandi 12S *ribosomal* RNA.

Sampel DNA diisolasi dari delapan kuskus yang berasal dari empat daerah di Papua yang kemudian diamplifikasi dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer 12S rRNAR dan 12S rRNAF. Empat sampel berasal dari Pulau Moor Nabire diberi kode MN, PL, PI dan PII; satu sampel dari Topo Nabire diberi kode I; dua sampel dari Wangar Nabire diberi kode II dan IV; dan satu sampel dari Yaro Nabire diberi kode III. Proses amplifikasi menghasilkan produk PCR sebesar 958 *basepair* (bp) yang kemudian disekuensing. Hasil sekuensing sebesar 897 nukleotida (nt) kemudian dianalisis menggunakan program MEGA versi 6.06 dan dibandingkan dengan beberapa spesies kuskus lain yang didapat dari *Genbank*.

Hasil analisis diperoleh sampel kuskus MN, IV, II dan III teridentifikasi sebagai *Phalanger* sp. dengan jarak genetik 4,4 – 4,7 %, sedangkan sampel kuskus PL, I, PI dan PII teridentifikasi sebagai *Spilocuscus maculatus* dengan jarak genetik 0,5 – 0,6%. Terdapat 72 situs nukleotida yang dapat dijadikan sebagai penanda genetik pada kelompok sampel (MN, IV, II, III) dan (PL, I, PI, PII).

Kata kunci: kuskus, gen 12S rRNA, sekuensing, Papua

ABSTRACT

MOLECULAR IDENTIFICATION OF CUSCUS (*Phalangeridae*) FROM PAPUA BASED ON 12S *ribosomal RNA* GENE SEQUENCES

Nana Yunitasari

Cuscus is a marsupial mammals endemic to Papua, Papua New Guinea and Australia, which decrease in population as a result of hunting in their natural habitat needs conservation attempt to preserve them. Cuscus is very difficult to identify because their variations morphology, for its success of conservation it needs molecular identification. The main objective of this research is to identify cuscus from Papua at the molecular level on 12S *ribosomal RNA*.

DNA samples are isolates from eight cuscus from four regions in Papua, then amplified with *Polymerase Chain Reaction* (PCR) technique used 12S rRNAR and 12S rRNAF primer. Four samples from Moor Nabire Islands encoded MN, PL, PI and PII; one sample from Topo Nabire encoded I; two samples from Wanggar Nabire encode II and IV, and one sample from Yaro Nabire encoded III. Amplification process produces PCR product with 958 *base pair* (bp) which then sequenced. Sequencing result with 897 nucleotide (nt) then analyzed using MEGA 6.06 version program and compared with some other cuscuses species obtained from *Genbank*.

Analysis result showed samples cuscus MN, IV, II and III identified as *Phalanger* sp. with genetics distance was 4,4 -4,7%, whereas samples cuscus PL, I, PI, and PII identified as *Spilocuscus maculatus* with genetic distance was 0,5 – 0,6%. There are 72 sites nucleotide that can be used as genetic markers in sample group (MN, IV, II, III) and (PL, I, PI, PII).

Keywords : cuscus, 12S rRNA gen, sequencing, Papua