

INTISARI

Identifikasi Molekuler Kuskus Asal Papua Berdasarkan Sekuen Gen *Adenosine Triphosphate* (ATP6)

Annisa Rachma Rasyida

Kuskus merupakan mamalia berkantung (marsupialia) famili Phalangeridae, genus *Phalanger* untuk jenis kuskus tidak bertotol dan *Spilocuscus* untuk kuskus bertotol. Di Papua, satwa ini populasinya mulai berkurang akibat aktifitas warga seperti pembukaan lahan, serta perburuan liar. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi secara molekuler kuskus asal Papua berdasarkan sekuen gen penyandi *ATP synthase subunit 6* (ATP6). Hasil penelitian ini diharapkan dapat digunakan sebagai dasar dalam klasifikasi untuk tujuan konservasi sehingga usaha konservasi dan pengembalian satwa sitaan maupun penangkaran dapat dilakukan tepat sesuai habitat.

Sampel yang digunakan dalam penelitian ini adalah biopsi jaringan dari *musculus bicep femoris* kuskus yang berasal dari desa Wanggar, Yaro, Nabire, dan Moor Nabire dengan kode IVB, IIB, IIIB, PL2, IB, PI2, dan MNB. Sampel kemudian diamplifikasi dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer ATP6F dan ATP6R. Proses amplifikasi menghasilkan produk PCR sebesar 919 *basepair* (bp) yang kemudian disekuensing. Hasil sekuensing sebesar 681 nukleotida (nt) dan 227 asam amino, kemudian dianalisis menggunakan program MEGA versi 6.06 dan dibandingkan dengan beberapa spesies kuskus lain yang didapat dari *Genbank*.

Berdasarkan sekuen gen ATP6, sampel kuskus PL2, IB, dan PI2 merupakan *Spilocuscus maculatus* dengan jarak genetik 1,9%-2,1%. Sampel kuskus IIB, IIIB, MNB, dan IVB merupakan *Phalanger sp.* yang memiliki kekerabatan paling dekat dengan *Phalanger vestitus* dengan jarak genetik sebesar 8,5%-8,7%. Terdapat 27 situs nukleotida yang berubah pada kelompok sampel (PL2, IB, dan PI2) dan (IIB, IIIB, MNB, dan IVB) yang dapat digunakan sebagai penanda genetik.

Kata kunci: kuskus, Papua, ATP6, PCR, sekuensing

Abstract

Molecular Identification Cuscus from Papua Based on *Adenosine Triphosphate* (ATP6) Genomic Sequence

Annisa Rachma Rasyida

Cuscus is a pouched mammal (marsupials) from family Phalangeridae, genus *Phalanger* for non-spotted cuscus and *Spilocuscus* for spotted cuscus. In Papua, cuscus' population is decreasing because of civilian's activity such as land clearing and wild hunting. The aim of this research is to identify Papuan cuscus molecularly based on *ATP synthase subunit 6* (ATP6) encoding genomic sequence. The result of this research could be used for a basis of classification purposes so that wildlife conservation and restoration efforts can be done exactly in the according habitats.

The sample used for this research is obtained from tissue biopsy of cuscus' *musculus bicep femoris* from Wanggar, Yaro, Nabire and Moor Nabire coded IVB, IIB, IIIB, PL2, IB, and MNB. Sample amplified with *Polymerase Chain Reaction* (PCR) method using ATP6F and ATP6R primer. Amplification progress produced 919 *basepair* (bp) PCR's product and then sequenced. The result of sequencing are 681 nucleotide (nt) and 227 amino acid, after that analyzed using MEGA program version 6.06 and comparing with some of another cuscus species which earned from *Genbank*.

According of ATP6 genomic sequence, cuscus' sample PL2, IB, and PI2 are *Spilocuscus maculatus* with genetic distance 1,9%-2,1%. Cuscus' sample IIB, IIIB, MNB, and IVB are *Phalanger sp.* which have closest kinship with *Phalanger vestitus* with genetic distance 8,5%-8,7%. There are 27 changed nucleotide sites in sample group (PL2, IB, and PI2) and (IIB, IIIB, MNB, and IVB) whose can be used as genetic sign.

Keywords: cuscus, Papua, ATP6, PCR, sequencing