



Rony Marsyal Kunda, S.Si., M.Sc

14/371413/SKH/87

## ABSTRACT

Indonesia is a "megabiodiversity" country with 36 % population of mammalian endemic species, one of which is cuscuses which classified in the family Phalangeridae. Declined of cuscuses population in its natural habitat due to deforestation, poaching and illegal wildlife trade. During this time the phenotypic characters become the foundation for investigators in determining the direction of a taxonomic study of the species, but the results are sometimes biased because the phenotypic characters often can not accurately describe the genotype relationship between individuals and environmental interactions. Genetic data is needed to investigate and clarify the differences and kinship among species in the family Phalangeridae that conservation strategy becomes more focused and effective. Cyt b and COX III genes is the coding region in mitochondrial genome which is widely used as a genetic marker for studying kinship species from the same genera or family.

This study begins with the tissue collection phase from each species, followed by analysis of genetic markers Cyt b and COX III genes using PCR and sequencing methods. Sequenced data is aligned with sequences comparison of *Genebank* species. Cyt b and COX III genes sequences barcodes ware analyzed from based on the following vertebrates mitochondrial translation code in MEGA version 6.0. Sinonimus and non sinonimus amino acid sequences analyzed manually by triplet codon sequences mutated.

The results alignment show that Cyt b gene sequences have 24 sites barcodes for *Phalanger* members, 19 sites barcodes for *Spiloglossus* members, and 4 sites barcodes belonging to cuscus from Sulawesi, while the results translation show that the genus *Phalanger* has 6 amino acids barcodes, *Spiloglossus* has 2 amino acids barcodes, and cuscus from Sulawesi has 1 amino acid barcode. The results analysis of COX III gene sequences produced 23 sites barcodes for *Phalanger* members, 8 sites barcodes for *Spiloglossus* members, and 5 sites barcodes for cuscus from Sulawesi. Barcode site serves to distinguish members of the *Phalanger* and *Spiloglossus* population from Maluku with members origin Papua. The results translation amino acid sequences of COX III gene can not function as a genetic marker because it's synonymous. The results of phylogenetic analysis Cyt b and COX III genes sequences obtained 5 clade is namely A1 (Papua) and A2 (Maluku) for *Phalanger* populations, B1 (Papua), and B2 (Maluku) for *Spiloglossus* populations, and C1 to *Ailurops* population. Cuscuses from Halmahera and Sentani, Jayapura islands form a sub-clade of clade B1.

Keywords : Phenotypic, Genetic Marker, Cuscuses, *Cytochrome b*, COX III

**Rony Marsyal Kunda, S.Si., M.Sc**  
**14/371413/SKH/87**

## INTISARI

Indonesia merupakan negara “*megabiodiversity*” dengan populasi satwa mammalia endemik sekitar 36%, salah satunya kuskus yang digolongkan dalam famili Phalangeridae. Menurunnya populasi kuskus di habitat alami diakibatkan deforestasi, perburuan liar dan perdagangan satwa illegal. Selama ini karakter fenotip menjadi tumpuan peneliti dalam menentukan arah telaah taksonomi suatu spesies, namun hasilnya kadang bias karena karakter fenotip sering tidak dapat menjelaskan hubungan genotip antar individu dengan interaksi lingkungan. Data genetik diperlukan untuk menelaah dan memperjelas perbedaan dan hubungan kekerabatan antar spesies dalam famili Phalangeridae agar strategi konservasi menjadi lebih terarah dan berhasil guna. Gen Cyt b dan COX III merupakan *coding region* dalam mitokondria genom yang banyak digunakan sebagai penanda genetik untuk menelaah kekerabatan spesies dari genus atau famili yang sama.

Penelitian ini diawali dengan tahap koleksi jaringan dari setiap spesies, dilanjutkan dengan analisis penanda genetik gen Cyt b dan COX III menggunakan metode PCR dan sekuensing. Data sekuensing di-*alignment* dengan sekuen spesies pembanding dari *Genebank*. Sekuen barcode gen Cyt b dan COX III dianalisis dari basa-basa yang diterjemahkan mengikuti *vertebrate mitochondrial translation code* dalam MEGA versi 6,0. Urutan asam amino sinonimus dan non sinonimus dianalisis secara manual berdasarkan sekuen triplet kodon yang mengalami mutasi.

Hasil *alignment* menunjukkan bahwa sekuen gen Cyt b menghasilkan 24 situs barcode untuk anggota populasi *Phalanger*, 19 situs barcode untuk anggota populasi *Spilogale*, dan 4 situs barcode untuk kuskus beruang asal Sulawesi. Hasil translasi menunjukkan bahwa genus *Phalanger* memiliki 6 asam amino barcode, *Spilogale* memiliki 2 asam amino barcode, dan kuskus beruang memiliki 1 asam amino barcode. Hasil analisis sekuen gen COX III menghasilkan 23 situs barcode untuk anggota populasi *Phalanger*, 8 situs barcode untuk anggota populasi *Spilogale*, serta 5 situs barcode untuk kuskus beruang asal Sulawesi. Situs barcode berfungsi untuk membedakan anggota populasi *Phalanger* dan *Spilogale* asal Maluku dengan anggota populasi asal Papua. Hasil translasi asam amino sekuen gen COX III tidak dapat berfungsi sebagai penanda genetik karena bersifat sinonimus. Hasil analisis filogenetik sekuen gen Cyt b dan COX III diperoleh 5 *clade* yaitu A1 (Papua), dan A2 (Maluku) untuk populasi *Phalanger*, B1 (Papua), dan B2 (Maluku) untuk populasi *Spilogale*, dan C1 untuk populasi *Ailuropus*. Individu kuskus asal pulau Halmahera dan Sentani, Jayapura membentuk *sub-clade* dari *clade* B1.

Kata Kunci : Fenotip, Penanda Genetik, Kuskus, *Cytochrome b*, COX III