



## PCR Primer Spesifik Berdasarkan Gen *Cytochrome b* untuk Deteksi Garangan (*Herpestes javanicus*) secara Molekuler

*Specific PCR Primers Based on Cytochrome-b Gene for Molecular Detection of Javan Mongoose (*Herpestes javanicus*)*

Sena Adi Subrata<sup>1\*</sup>, Subeno<sup>1</sup>, & Atus Syahbuddin<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departemen Konservasi Sumber Daya Hutan, Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta, 55281

<sup>2</sup>Departemen Silvikultur, Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta, 55281

Email: adisubrata@ugm.ac.id

### HASIL PENELITIAN

Riwayat Naskah :

Naskah masuk (*received*): 9 November 2018

Diterima (*accepted*): 1 Desember 2019

### KEYWORDS

*Javan Mongoose, animal, mammalian, forest, molecular*

### KATA KUNCI

*Javan mongoose, hewan, mamalia, hutan, molekuler*

### ABSTRACT

*Javan Mongoose is a meso-carnivore species that have an important role in ecosystem as a predator. It is believed that its occurrence controls prey populations including some pest species. However, the belief is an anecdote because of lacking supportive data. Difficulty in visually observing the species is a major problem preventing data collection. This study aims to design PCR primer for detecting the Mongoose molecularly from organic material remaining, such as feces. The design starts with selecting specific marker from 51 DNA sequences of cytochrome-b. The DNA sequences were of 19 Javan carnivore collected from GenBank (NCBI). PCR primers were designed and tested using both in-silico and in-vitro techniques. The sequence collection and selection, and primer design process employed MEGA 5 and SP-Designer software. We successfully designed PCR primers: forward 5'-CAAATCACCCACTCATTAATC-3' dan reverse 5'-TGTGGGTTACTGATGAAAAGG-3'. The primer is capable of detecting Javan Mongoose from remaining organic material. The study contributed to basic data collection of Javan Mongoose for advanced studies such as occupancy modeling, species distribution modeling and diet analysis. This information is fundamental for understanding the role of the Javan Mongoose in an ecosystem.*

### INTISARI

Garangan (*Herpestes javanicus*) merupakan salah satu spesies *meso-carnivora* yang berperan penting dalam ekosistem sebagai pemangsa. Kehadirannya dianggap mampu mengendalikan populasi spesies mangsa, termasuk beberapa spesies hama. Namun anggapan ini dianggap hanya anekdot karena kekurangan data ekologis pendukungnya sebagai dampak dari kesulitan pengamatan visual atas spesies ini. Penelitian ini bertujuan untuk merancang *PCR primer* untuk deteksi Garangan secara molekuler dari material organik yang ditinggalkan, misalnya kotoran. Perancangan *PCR primer* dimulai dengan memilih penanda spesifik Garangan yang melibatkan 51 sekuen DNA gen *Cytochrome-b* dari 19 spesies karnivora Jawa, menentukan primer *forward* dan *reverse*, dan menguji *in-silico* dan *in vitro* dari primer yang berhasil dirancang. Proses tersebut dilakukan dengan bantuan *software*

MEGA 5 dan SP-Designer, dan memanfaatkan basis data genetik dari GenBank (NCBI). Uji *in silico* dan *in vitro* menunjukkan bahwa sekuen primer *forward* 5'-CAAATCACACCCCACTCATTAATAATC-3' dan *reverse* 5'-TGTGGGTTACTGATGAAAAGG-3' akan mampu mendeteksi Garangan secara molekuler dari material organik spesies ini. Penelitian ini berkontribusi dalam pengumpulan data dasar kehadiran Garangan untuk mengumpulkan informasi lanjut tentang okupansi, distribusi spesies, dan pakannya. Informasi ini merupakan fondasi untuk memahami peran spesies ini dalam ekosistem.

---

© Jurnal Ilmu Kehutanan -All rights reserved

---

## Pendahuluan

Garangan (*Herpestes javanicus*) merupakan salah satu meso-carnivora yang berfungsi penting dalam ekosistem. Dalam *trophic interaction*, spesies ini berfungsi sebagai pemangsa generalis yang memakan insekta, reptil dan vertebrata kecil lain yang hidup di atas tanah (Vilella 1998; Watari et al. 2008). Kemampuan adaptasinya yang baik dianggap mendukung fungsinya sebagai pemangsa yang efektif, sehingga Garangan sering diintroduksi ke lokasi baru di berbagai belahan dunia sebagai pengendali populasi hama (Hays & Conant 2007). Namun, fungsi pengendali hama tersebut dianggap hanya anekdot, karena tidak didukung data ekologi yang memadai. Kurangnya data interaksi spesies untuk membuktikan pemangsaan (Watari et al. 2008), ketidakjelasan taksonomi yang berujung pada kesalahan identifikasi spesies (Veron et al. 2007), dan minimnya data rinci tentang pakan (Mahmood & Adil 2017) memunculkan anggapan tersebut.

Kesulitan pengamatan populasi dan perilaku Garangan merupakan salah satu penyebab kekurangan data ekologi spesies ini. Kesulitan ini menjadi tantangan mencari teknik lain untuk mengumpulkan data. Meskipun aktif di siang hari, namun spesies ini selalu menjauhi manusia dan bergerak sangat cepat (Vilella 1998). Perilaku ini menghambat pengamatan visual yang banyak diandalkan peneliti satwa liar untuk mengumpulkan data. Kesulitan pengamatan visual ini bisa diatasi dengan teknik molekuler. Teknik ini menggunakan sisa-sisa material organik Garangan untuk mengumpulkan data ekologi tanpa harus melihat individunya.

Dari beragam teknik molekuler yang ada, deteksi spesies berdasarkan penanda spesifik merupakan teknik yang populer diterapkan untuk pengamatan satwa liar. Teknik ini banyak dipilih peneliti karena kemudahannya mendapatkan sampel, murah, cepat dan handal (Linacre & Tobe 2013). Pada awalnya, teknik ini banyak digunakan untuk mendeteksi mikroorganisme pada kajian medis (Aguilera-Arreola et al. 2014; Youn et al. 2017). Perkembangan selanjutnya teknik ini juga diterapkan untuk mendeteksi spesies hewan terlarang dalam makanan (Ali et al. 2015; Shabani et al. 2015), serangga dalam jaring makanan (Rondoni et al. 2015; Staudacher et al. 2016), dan satwa yang diperdagangkan (Yang et al. 2019). Berdasar kajian tersebut, diduga teknik ini berpotensi diterapkan untuk mengumpulkan data ekologi Garangan. Disamping kelebihan, kelemahan teknik ini adalah diperlukannya primer *PCR* (*polymerase chain reaction*) yang harus dirancang spesifik untuk masing-masing spesies. Kehandalan teknik ini akan tergantung dari rancangan primer yang menentukan keberhasilan deteksi spesies secara molekuler.

Perancangan primer spesifik dilakukan melalui tahap *in silico* dan *in vitro* (Linacre & Tobe 2013). Pada tahap *in silico*, primer dirancang dan diuji melalui simulasi bioinformatika untuk menghasilkan primer terbaik dengan asumsi kondisi *PCR* yang ideal. Selanjutnya, primer akan diuji secara *in vitro* melalui *PCR* untuk mengetahui kemampuan primer mendeteksi *DNA* (*deoxyribo nucleid acid*) dari spesies target secara riil di laboratorium. Penelitian ini bertujuan untuk merancang *PCR* primer spesifik yang melibatkan tahap *in silico* dan *in vitro* untuk mendeteksi spesies Garangan dalam rangka mendukung pengumpulan data ekologisnya.

## Bahan dan Metode

### Langkah perancangan PCR primer

Langkah perancangan *PCR primer* spesifik adalah menyusun daftar spesies yang dilibatkan, mengumpulkan sekuen *DNA* gen *cytochrome-b* (*Cyt-b*) dan *cytochrome oxidase I* (*COI*), memilih penanda spesifik dan menentukan *PCR primer*. Menyusun daftar spesies yang dilibatkan dilakukan dengan mengumpulkan informasi spesies yang kemungkinan besar hadir bersamaan dengan Garangan di suatu lokasi. Pada penelitian ini, dibatasi distribusi Garangan adalah pulau Jawa dan spesies yang dipertimbangkan hadir bersama adalah takson karnivora. Pengumpulan informasi dilakukan dengan studi literatur yang relevan dengan ekologi pulau Jawa. Langkah selanjutnya adalah mengumpulkan 3-5 untaian *DNA* gen *Cyt-b* dan *COI* dari semua spesies yang terdaftar dari langkah sebelumnya. Untaian *DNA* diunduh dari *National Center for Biological Information (NCBI)* dalam bentuk *FASTA files*. Semua untaian *DNA* diunduh, dimodifikasi dan disejajarkan (*alignment*) dengan bantuan *software* MEGA 5 (Tamura et al. 2011) we announce the release of Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 5 (MEGA5). Untaian *DNA* yang sudah disejajarkan digunakan sebagai data dasar untuk memilih penanda spesifik dan unik dari spesies Garangan. Selain spesifik, panjang sekuen *DNA* penanda juga menjadi pertimbangan penting. Dipilih panjang sekuen *DNA* diantara 100 – 300 pasang basa, mengingat bahwa penanda tersebut harus bisa dikenali dari *DNA* yang terdegradasi. Langkah selanjutnya setelah memilih penanda spesifik adalah menentukan sekuen *DNA* pendek di kanan dan kiri penanda spesifik (*primer*) sebagai awal dan akhir proses penggandaan untaian *DNA* penanda melalui proses *PCR*. *Primer* ditentukan berdasarkan panjang untaian *DNA* antara 18-24 pasang basa, kandungan *Guanin* dan *Cytosin* antara 40-60%, *melting temperature* antara 55-65 °C dan minimal *hairpin* dan *primer dimer* (Dieffenbach et al. 1993). Semua kandidat penanda spesifik beserta primernya dinilai berdasarkan kriteria di atas. Mengingat bahwa kemungkinan jumlah penanda spesifik beserta primernya mencapai ribuan, maka digunakan bantuan *software* SP-Designer (Villard &

Malausa 2013) as assessed by interspecific sequence polymorphism in the annealing regions, (ii) untuk menentukan primer yang paling tepat berdasarkan nilai *penalty* terkecil.

### Uji spesifitas primer secara *in-silico* dan *in-vitro*

Setelah *PCR primer* berhasil dirancang, langkah selanjutnya adalah menguji spesifitas primer tersebut. Uji ini dilakukan dengan “menempelkan” primer tersebut pada sekuen *DNA* semua makhluk hidup yang tersimpan dalam *Gene Bank NCBI (in-silico)*. Uji ini dilakukan berdasarkan asumsi bahwa apabila kondisi *PCR* optimal, maka keberhasilan deteksi spesies ditentukan oleh ketepatan perancangan primer. Hasil uji dievaluasi berdasarkan jumlah sekuen *DNA* yang secara tepat “ditempel” oleh primer yang dirancang.

Uji selanjutnya adalah menggunakan primer dalam proses *PCR* untuk mengamplifikasi segmen *DNA* target (*in-vitro*). *Template DNA* yang digunakan berasal dari kotoran (feses) yang teridentifikasi sebagai kotoran Garangan. Ekstraksi *DNA* dilakukan menggunakan QIAamp®Fast DNA stool mini kit sesuai dengan protokol yang tersedia. *PCR* dilakukan dalam volume 25 uL dengan *ingredient* sebagai berikut: 7 uL *DNA* template, 12.5 uL MyTaq™ HS Red Mix (Bioline), 2.5 uL Bovine Serum Albumin (BSA), 0.4 uM primer forward dan reverse, dan 1 uL ddH<sub>2</sub>O. *PCR* dilakukan dalam 30 siklus dengan teknik *touchdown (annealing temperature* diturunkan 0.5°C tiap siklus dari 65°C hingga 55°C) yang diprogram pada Applied Biosystem 2720 thermal cycler. Amplicon divisualisasi dalam gel agarose 2%, dan dibaca sekuensnya menggunakan *Applied Biosystem sequencer*. Selanjutnya, sekuens dicocokkan dengan database nukleotid dari NCBI menggunakan teknik *blast-n*. Persen identik digunakan sebagai acuan untuk menilai kecocokan sekuens sampel dengan *database*.

## Hasil dan Pembahasan

Penelusuran literatur tentang karnivora yang kemungkinan hadir di Pulau Jawa menghasilkan 19 spesies (lampiran 1). Dari 19 spesies tersebut berhasil didapatkan 3-5 sekuen *DNA* gen *Cyt-b*, sementara tidak semua spesies berhasil didapatkan sekuen *DNA* gen *COI*, sehingga dipilih 51 sekuen *DNA*

**CAAATCACACCCACTCATTAAAATCNTCAACGAATCATTGATCTCCCCNCNCCATCNAANAT**  
*NTCAGCCTGTGAAACTTTGGCTCCCTNTTAGGAGTNTGCCTTATTCTACAGATNCTAACAGGCCTAT*  
**TTCTAGCNATACTANACATCAGACACATNAACNGTGTGGGTTACTGATGAAAAGG**

**Gambar 1.** Sekuen DNA penanda spesifik Garangan dari gen *Cytochrome-b* (cetak miring) dan rancangan PCR primernya (cetak tebal)

**Figure 1.** DNA sequence of specific marker (italic) and designed PCR-primer (bold) of Javan Mongoose.

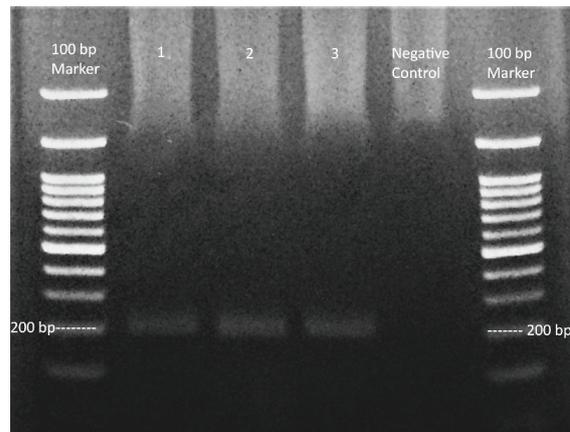
dari gen *Cyt-b* sebagai data awal untuk memilih penanda spesifik. Dari 51 untaian DNA tersebut, berhasil dipilih penanda spesifik dari Garangan dan dirancang PCR primernya (Gambar 1).

Primer yang dirancang mempunyai karakteristik biokimia yang sesuai untuk melakukan amplifikasi penanda spesifik melalui PCR, khususnya yang menggunakan *template DNA* yang pendek. Karakter PCR primer tersebut disajikan pada tabel 1.

Hasil uji *in-silico* terhadap PCR primer tersebut mengindikasikan bahwa primer tersebut bisa digunakan untuk mendeteksi spesies Garangan sepanjang kondisi PCR optimal. *Primer blasting* pada GenBank (NCBI) menunjukkan bahwa primer yang dirancang mampu menempel secara tepat pada lebih dari 20 sekuen DNA gen *Cyt-b* spesies *Herpestes javanicus* atau *Urva javanica* (Kedua nama ilmiah ini adalah sinonim). Peluang untuk menempel pada *congeneric* spesies: *Herpestes brachyurus* and *Herpestes edwardsii* masih ada namun kecil, karena distribusi geografisnya tidak di pulau Jawa.

Uji selanjutnya (*in-vitro*) menunjukkan bahwa primer berhasil digunakan dalam PCR yang mengamplifikasi secara tepat segmen DNA target dari semua (3 feses) sampel sehingga menghasilkan amplicon dengan panjang kurang lebih 200 pasang basa dan tidak menghasilkan amplicon lain (Gambar 1). Uji ini menggunakan template DNA berasal dari feses Garangan yang tidak hanya mengandung DNA

Garangan, namun juga DNA dari semua organisme yang terdapat di dalam kotoran termasuk DNA dari hewan mangsanya. Kemunculan pita DNA tunggal pada gel agarose menunjukkan spesifitas primer yang hanya mengamplifikasi DNA dari spesies target.



**Gambar 2.** Visualisasi pada agarose gel menunjukkan pita DNA dengan panjang sekitar 200 pasang basa.

**Figure 2.** Agarose gel visualization showed DNA bands at c.a. 200 base pair.

Amplicon yang tervisualisasi dalam agarose (Gambar 1) merupakan segment DNA target yang spesifik Garangan. Hal ini dibuktikan nilai persen identik sekuens amplicon sampel terhadap data base NCBI sebesar 90% - 95%. Nilai tersebut selalu paling tinggi yang diikuti kemudian oleh *Herpestes edwardsii* (Tabel 2). Nilai ini menunjukkan bahwa sampel tersebut kemungkinan besar adalah Garangan.

**Tabel 1.** Karakteristik PCR primer spesifik untuk Garangan (*Herpestes javanicus*)  
**Table 1.** Character of PCR-primer specific for Javan Mongoose (*Herpestes javanicus*)

	Forward (5' → 3')	Reverse (5' → 3')
Sekuen	CAAATCACACCCACTCATTAAAATC	TGTGGGTTACTGATGAAAAGG
Panjang primer	25 pasang basa	32 pasang basa
Melting temperature	60 °C	60 °C
Panjang produk PCR	191 pasang basa	

**Tabel 2.** Persen identik sekuens DNA sampel terhadap data base NCBI  
**Table 2.** Percent identity of DNA sequence of samples against NCBI database.

Sampel	Teridentifikasi		Teridentifikasi terdekat berikutnya	
	Spesies	Identik (%)	Spesies	Identik (%)
1	<i>Herpestes javanicus</i>	95 - 97	<i>Herpestes edwardsii</i>	92
2	<i>Herpestes javanicus</i>	93 - 95	<i>Herpestes edwardsii</i>	90 - 91
3	<i>Herpestes javanicus</i>	90 - 93	<i>Herpestes edwardsii</i>	88 - 89

Dalam merancang primer PCR, harus terdapat keseimbangan antara produktifitas dan spesifitas. Penggunaan primer yang bertarget segmen DNA yang pendek akan meningkatkan produktifitas karena meningkatkan peluang teramplifikasinya DNA yang sudah terpotong pendek-pendek (terdegradasi), misalnya DNA yang berasal dari kotoran. Namun sekuens DNA dari segmen yang pendek berpeluang lebih rendah untuk identik dengan sekuens referensi yang terdapat dalam data base. Dalam penelitian ini, produktifitas lebih diprioritaskan karena primer ditujukan untuk mengidentifikasi material DNA terdegradasi berdasarkan visualisasi segmen DNA target. Meskipun persen identik tidak terlalu tinggi (90%-95%; tabel 2), namun keberhasilan mengamplifikasi semua sampel secara tepat (Gambar 1) merupakan justifikasi penggunaan primer ini untuk mendeteksi Garangan secara cepat.

PCR primer dirancang untuk mendeteksi Garangan dari material organik yang ditinggalkan spesies tersebut, misalnya: kotoran, lendir, rambut dan sisa bagian tubuh. Deteksi secara non-invasive ini mungkin dilakukan sepanjang DNA Garangan berhasil diekstraksi dari material tersebut. Pendeknya (191 pasang basa) sekuens DNA penanda spesifik yang dipilih meningkatkan peluang keberhasilan PCR meskipun memanfaatkan DNA template dari degraded material.

Keberhasilan perancangan PCR primer spesifik pada penelitian ini tidak bisa dilepaskan dari pelibatan 51 sekuens DNA dari 19 spesies karnivora. Pelibatan 18 spesies karnivora Jawa selain Garangan tersebut dilakukan untuk meningkatkan spesifitas primer yang dirancang, sehingga primer tidak menempel pada spesies lain diluar spesies target (Linacre & Tobe 2013). Pelibatan ini mempermudah pemilihan sekuens DNA penanda spesifik Garangan. Konsekuensi dari pelibatan 51 sekuens DNA ini adalah pemilihan sekuens penanda yang lebih rumit dan

mustahil dilakukan secara manual, sehingga penggunaan software bioinformatika sangat membantu.

PCR primer yang dirancang ini akan mempermudah pengumpulan data ekologi penting dari Garangan. Deteksi secara molekuler menggunakan primer ini bisa menghasilkan data dasar berupa kehadiran Garangan dan identifikasi sisa material organik Garangan. Data dasar tersebut berguna untuk mendukung pengumpulan informasi ekologi lebih lanjut misalnya permodelan okupansi, permodelan distribusi spesies Garangan, screening DNA Garangan untuk analisis molekuler lanjut, dan analisis pakan.

## Kesimpulan

PCR-primer yang dirancang melalui penelitian ini layak digunakan untuk mendeteksi Garangan dari material organik yang ditinggalkan. Uji *in-silico* dan *in-vitro* menunjukkan bahwa primer yang dirancang akan berhasil mengamplifikasi dengan tepat pada sekuens DNA unik Garangan.

## Ucapan Terima Kasih

Penulis menerima dana hibah penelitian dari dana DPP Fakultas Kehutanan dan Kemenristekdikti melalui skema Penelitian Dasar Unggulan Perguruan Tinggi desentralisasi Universitas Gadjah Mada dengan nomor perjanjian penelitian 64/UN1/DITLIT/DIT-LIT/LT/2018.

## Daftar Pustaka

- Aguilera-Arreola MG, González-Cardel AM, Tenorio AM, Curiel-Quesada E, Castro-Escarpulli G. 2014. Highly specific and efficient primers for in-house multiplex PCR detection of *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Mycoplasma hominis* and *Ureaplasma urealyticum*. BMC research notes 7(1): 433
- Ali ME, Razzak MA, Hamid SBA, Rahman MM, Al Amin M, Rashid NRA. 2015. Multiplex PCR assay for the detection of five meat species forbidden in Islamic foods. Food chemistry 177: 214-24.

- Dieffenbach CW, Lowe TM, Dveksler GS. 1993. General concepts for PCR primer design. *Genome Research* **3**(3): 30-7.
- Hays WST, Conant S. 2007. Biology and Impacts of Pacific Island Invasive Species. 1. A Worldwide Review of Effects of the Small Indian Mongoose, *Herpestes javanicus* (Carnivora: Herpestidae)<sup>2</sup>. *Pacific Science* **61**(1): 3-16.
- Linacre A, Tobe S. 2013. *Wildlife DNA Analysis: Application in forensic science* 1st ed., Oxford:, Wiley-Blackwell.
- Mahmood T, Adil A. 2017. Diet composition of small Indian mongoose (*Herpestes javanicus*) varies seasonally in its native range. *Animal Biology* **67**(1): 69-80.
- Rondoni G, Athey KJ, Harwood JD, Conti E, Ricci C, Obrycki JJ. 2015. Development and application of molecular gut-content analysis to detect aphid and coccinellid predation by *Harmonia axyridis* (Coleoptera: Coccinellidae) in Italy. *Insect Science* **22**(6): 719-30.
- Shabani H, Mehdizadeh M, Mousavi SM, Dezfouli EA, Solgi T, Khodaverdi M, Rabiei M, Rastegar H, Alebouyeh M. 2015. Halal authenticity of gelatin using species-specific PC. *R Food Chemistry* **184**: 203-6.
- Staudacher K, Jonsson M, Traugott M. 201. Diagnostic PCR assays to unravel food web interactions in cereal crops with focus on biological control of aphids. *Journal of Pest Science* **89**(1): 281-93.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution* **28**(10): 2731-9.
- Veron G, Patou ML, Pothet G, Simberloff D, Jennings AP. 2007. Systematic status and biogeography of the Javan and small Indian mongooses (Herpestidae, Carnivora). *Zoologica Scripta* **36**(1): 1-10.
- Vilella FJ. 1998. Biology of the mongoose (*Herpestes javanicus*) in a rain forest of Puerto Rico. *Biotropica* **30**(1): 120-5.
- Villard P, Malausa T. 2013. SP-Designer: A user-friendly program for designing species-specific primer pairs from DNA sequence alignments. *Molecular Ecology Resources* **13**: 755-758.
- Watari Y, Takatsuki S, Miyashita T. 2008. Effects of exotic mongoose (*Herpestes javanicus*) on the native fauna of Amami-Oshima Island, southern Japan, estimated by distribution patterns along the historical gradient of mongoose invasion. *Biological Invasions* **10**(1): 7-17.
- Yang Y, Zheng Y, Lu B, Jiao Z, Chen L, Gblinwon RT, Jia X, Shen Y, Yang H. 2019. Rapid identification of cervus antlers by species-specific PCR assay. *Natural Product Research*. DOI: 10.1080/14786419.2018.1560285
- Youn SY, Ji GE, Han YR, Park MS. 2017. Development of Strain-Specific Primers for Identification of *Bifidobacterium bifidum* BGN4. *Journal of Microbiology and Biotechnology* **27**(5): 909-15.

**Lampiran 1.** Daftar spesies yang dilibatkan untuk perancangan PCR Primer spesifik Garangan (*Herpestes javanicus*).

**Appendix 1.** List of species involved in the design of specific primer of Garangan (*Herpestes javanicus*).

1. <i>Cuon alpinus</i>	Dhole
2. <i>Canis lupus</i>	Domestic Dog
3. <i>Amblonyx cinereus</i>	Oriental small-clawed Otter
4. <i>Lutra lutra</i>	Eurasian Otter
5. <i>Martes flavigula</i>	Yellow-throated Marten
6. <i>Melogale personata</i>	Ferret Badger
7. <i>Mustela lutreola</i>	Mountain Weasel
8. <i>Mydaus javanensis</i>	Malayan stink Badger
9. <i>Arctictis binturong</i>	Binturong
10. <i>Paradoxurus hermaphroditus</i>	Common palm Civet
11. <i>Arctogalidia trivirgata</i>	Three-striped palm Civet
12. <i>Prionodon linsang</i>	Banded Linsang
13. <i>Viverricula indica</i>	Little Civet
14. <i>Herpestes javanicus</i>	Small Indian Mongoose
15. <i>Prionailurus bengalensis</i>	Leopard Cat
16. <i>Prionailurus viverrinus</i>	Fishing Cat
17. <i>Panthera pardus</i>	Javan Leopard
18. <i>Panthera tigris</i>	Javan Tiger
19. <i>Felis catus</i>	Domestic Cat