

**VARIASI GENETIK TARSIVUS ASAL PULAU BELITUNG
BERDASARKAN GEN PENANDA *DISPLACEMENT LOOP*
(D-LOOP)**

SKRIPSI

Diajukan Sebagai Salah Satu Syarat untuk Memperoleh Gelar Sarjana Sains di
Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Sriwijaya

Oleh :
DEA ARDINAYA
08041282126056



JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS SRIWIJAYA
2025

HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Variasi Genetik Tarisus Asal Pulau Belitung
Berdasarkan Gen Penanda *Displacement*
Loop (D-Loop)

Nama Mahasiswa : Dea Ardinaya

NIM : 08041282126056

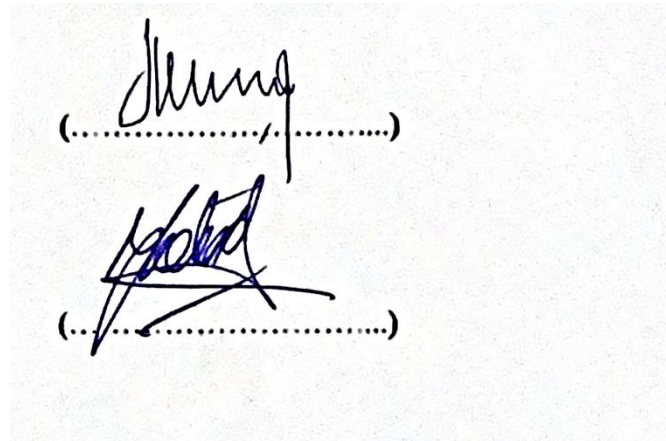
Jurusan : Biologi

Telah disidangkan pada tanggal 10 Maret 2025

Inderalaya, Maret 2025

Pembimbing:

1. **Dra. Muharni, M.Si.**
NIP. 196306031992032001
2. **Prof. Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si.**
NIP. 197307261997021001



(.....)

(.....)

HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Variasi Genetik Tarisus Asal Pulau Belitung
Berdasarkan Gen Penanda *Displacement Loop* (D-Loop)

Nama Mahasiswa : Dea Ardinaya

NIM : 08041282126056

Jurusan : Biologi

Telah dipertahankan dihadapan Panitia Sidang Ujian Skripsi di Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada tanggal 10 Maret 2025. Dan telah diperbaiki, diperiksa, serta disetujui sesuai dengan masukan yang diberikan.

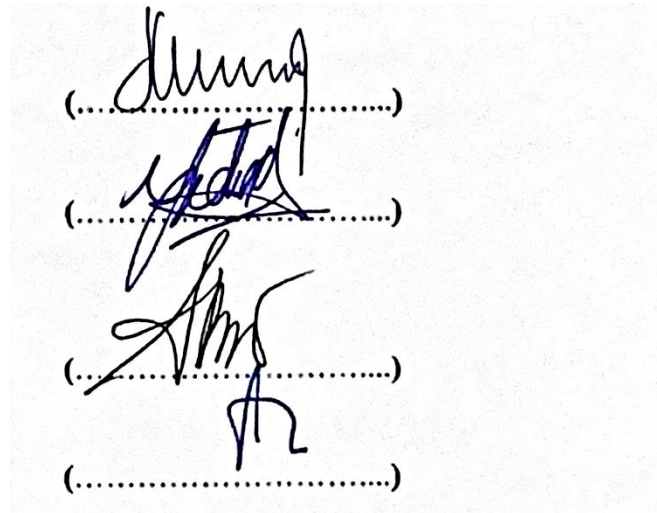
Inderalaya, Maret 2025

Pembimbing:

1. **Dra. Muharni, M.Si.**
NIP. 196306031992032001
2. **Prof. Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si.**
NIP. 197307261997021001

Pembahas:

1. **Prof. Dr. Arum Setiawan, M.Si.**
NIP. 197211221998031001
2. **Dr. Laila Hanum, M.Si.**
NIP. 197308311998022001



Mengetahui,
Ketua Jurusan Biologi
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Sriwijaya



Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP. 197308311998022001

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama Mahasiswa : Dea Ardinaya
NIM : 08041282126056
Fakultas/Jurusan : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam/Biologi

Menyatakan bahwa skripsi ini adalah hasil karya saya sendiri dan karya ilmiah ini belum pernah diajukan sebagai pemenuhan persyaratan untuk memperoleh gelar kesarjanaan Strata Satu (S1) dari Universitas Sriwijaya maupun perguruan tinggi lain.

Semua informasi yang dimuat dalam skripsi ini yang berasal dari penulis lain baik yang dipublikasikan atau tidak telah diberikan penghargaan dengan mengutip nama sumber penulis secara benar. Semua isi dari skripsi sepenuhnya menjadi tanggung jawab saya sebagai penulis.

Demikianlah surat pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.



HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS

Sebagai civitas akademik Universitas Sriwijaya, yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama Mahasiswa : Dea Ardinaya
NIM : 08041282126056
Fakultas/Jurusan : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam/Biologi
Jenis Karya : Skripsi

Demi pengembangan ilmu pengetahuan, saya menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Sriwijaya “Hak bebas royalti non-eksklusif (*non-exclusively royalty-free right*)” atas karya ilmiah saya yang berjudul:

“Variasi Genetik Tarsius Asal Pulau Belitung Berdasarkan Gen Penanda *Displacement Loop (D-Loop)*”

Dengan hak bebas royalti non-eksklusif ini Universitas Sriwijaya berhak menyimpan, mengalih media/memformatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat, dan mempublikasikan tugas akhir atau skripsi saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik hak cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sesungguhnya.

Inderalaya, Maret 2025
Penulis,



Dea Ardinaya
NIM. 08041282126056

HALAMAN PERSEMBAHAN

Segala puji dan syukur senantiasa kita panjatkan atas rahmat, kasih sayang, serta pengajaran dari Allah SWT. dan Nabi Muhammad SAW., yang telah memberikan kekuatan selama proses penyusunan skripsi ini. Karya ini saya dedikasikan sebagai wujud pengabdian kepada Tuhan, bentuk tanggung jawab kepada kedua orang tua, serta ungkapan terima kasih kepada keluarga yang selalu memberikan dukungan.

Selain itu, saya juga mengapresiasi diri sendiri atas ketekunan, dedikasi, dan ketabahan yang telah saya tunjukkan dalam menghadapi berbagai tantangan. Skripsi ini merupakan cerminan dari perjalanan dan pertumbuhan pribadi saya dan saya merasa bangga atas pencapaian yang telah diraih.

MOTTO

“Talk less, do more and more”

*“Perubahan tidak bisa terjadi hanya lewat perkataan saja. Mimpi besar tidak akan menjadi kenyataan jika hanya berhenti sampai di rencana dan wacana. Bergerak menuju perubahan yang kamu inginkan. Lakukan hal-hal yang membawa kamu menuju mimpi besar itu. **The world doesn't owe you anything. You have to give your shot!**”*

KATA PENGANTAR

Puji syukur atas kehadiran Allah S.W.T dikarenakan berkat rahmat dan karunia-Nya, maka penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan judul “**Variasi Genetik Tarsius Asal Pulau Belitung Berdasarkan Gen Penanda *Displacement Loop (D-Loop)***” sebagai syarat untuk mencapai gelar Sarjana Sains di Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.

Penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar besarnya kepada Ibu Dra. Muharni, M.Si. dan bapak Prof. Dr. rer.nat. Indra Yustian, M.Si. selaku dosen pembimbing yang telah memberikan bimbingan, arahan, saran, dukungan, dedikasi, nasihat, dan kesabarannya selama pelaksanaan penelitian serta penulisan skripsi ini. Ucapan terima kasih juga penulis haturkan kepada Bapak Prof. Dr. Arum Setiawan, M.Si. dan Ibu Dr. Laila Hanum, M.Si. selaku dosen penguji yang telah memberikan saran dan arahan kepada penulis dalam merampungkan skripsi ini.

Penulis menyadari berkat bantuan, bimbingan, dan masukan dari berbagai pihak, penulis dapat menyelesaikan skripsi ini dengan baik. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. Taufiq Marwa, S.E., M.Si. selaku rektor Universitas Sriwijaya.
2. Prof. Hermansyah, S.Si., M.Si., Ph.D. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.
3. Dr. Laila Hanum, M.Si. selaku Ketua Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.
4. Dr. Elisa Nurnawati, M.Si. selaku Sekretaris Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya
5. Dwi Puspa Indriani, S.Si., M.Si. selaku pembimbing akademik yang telah memberikan bimbingan, arahan dan nasehatnya selama proses perkuliahan.
6. Seluruh dosen dan staff karyawan Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya yang tidak dapat disebutkan satu per satu yang telah membantu selama perkuliahan berlangsung.

7. As'ad Syazili, S.P., M.Sc. selaku pasangan hidup saya yang telah memberikan banyak bantuan selama proses penyusunan skripsi dan telah menjadi tempat untuk mengungkapkan semua keluh kesah.
8. Wahid Herlanda, S.Si. selaku senior, *coach* serta partner yang selalu mengajarkan dan berbagi ilmu serta pengalamannya selama penelitian berlangsung.
9. Winda Indriati, M.Si. selaku senior yang telah membantu, menjadi tempat bertanya serta selalu memberikan saran dan masukan selama penelitian.
10. Agus Wahyudi, S.Si. selaku analis Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Jurusan Biologi, FMIPA yang telah memberikan waktu dan membantu sedikit banyak selama proses penelitian berlangsung.
11. Mba Lala dan Ibu Mai selaku analis Laboratorium Bioteknologi Program Pendidikan Dokter Spesialis, Fakultas Kedokteran yang telah memberikan waktu dan membantu sedikit banyak selama proses penelitian berlangsung.
12. Teman-teman seperjuangan penelitianku (Iren, Diva, Kak Tata), teman kumpul-kumpul untuk refreshing (Roro, Ranti, Miska), teman-teman sikirinsut (Anggun, Aisyah, Lala, Epelin, Rizky, Rezty) serta kakak-kakak biologi angkatan 2020 (Lala dan Nana) yang telah membantu penulis selama proses penelitian dan penyusunan tugas akhir.
13. Teman-teman Jurusan Biologi angkatan 2021.

Penulis mengharapkan skripsi ini dapat bermanfaat bagi civitas akademik dan masyarakat umum. Penulis menyadari masih banyak kekurangan dalam penyusunan skripsi ini, sehingga kritik dan saran terkait skripsi ini sangat diterima untuk kebaikan di masa yang akan datang.

Inderalaya, Maret 2025
Penulis,

Dea Ardinaya
NIM. 08041282126056

GENETIC VARIATION OF TARSIER FROM BELITUNG ISLAND BASED ON *DISPLACEMENT LOOP* (D-LOOP) MARKER GENE

Dea Ardinaya
08041282126056

SUMMARY

Land clearing on Belitung Island has caused significant environmental impacts. The existence of the Belitung tarsier is currently quite alarming, because its status has been declared as Endangered or threatened and has not received adequate attention in terms of genetic conservation, so its genetic information is still very limited. To address this issue, further research is needed on analyzing genetic variation in Belitung tarsier individuals using *Displacement Loop* (D-Loop) genetic markers. This study aims to analyze genetic variation among Belitung tarsier individuals using the *Displacement Loop* (D-Loop) gene marker. The research samples used were ear tissue samples. The samples used came from the Bukit Peramun location, Air Selumar Village, Belitung and from the Batu Mentas location in Kelekak Datuk Village, Belitung. The research stages consisted of total DNA isolation, quantity test and quality test, DNA amplification, electrophoresis, sequencing, data analysis using GeneStudio application, BLAST NCBI website, Mega program and DNAsp. DLTARPROF and DLTARBFR primers successfully amplified all six samples indicated by the presence of DNA bands ranging from 418 bp to 424 bp. The Hd value is 1 in each population so it is concluded that the six samples have a very high level of genetic variation based on the *Displacement Loop* (D-Loop) marker gene.

keywords: genetic variation, tarsier, *displacement loop*, belitung

VARIASI GENETIK TARSISUS ASAL PULAU BELITUNG BERDASARKAN GEN PENANDA *DISPLACEMENT LOOP* (D-LOOP)

Dea Ardinaya
08041282126056

RINGKASAN

Pembukaan lahan yang terjadi di Pulau Belitung telah menyebabkan dampak lingkungan yang signifikan. Keberadaan tarsius Belitung saat ini cukup memprihatinkan, karena statusnya telah dinyatakan sebagai *Endangered* atau terancam punah dan belum mendapatkan perhatian yang memadai dalam hal konservasi genetik, sehingga informasi genetiknya masih sangat terbatas. Untuk menangani masalah ini, diperlukan penelitian lebih lanjut tentang analisis variasi genetik pada individu tarsius Belitung menggunakan penanda genetik *Displacement Loop* (D-Loop). Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genetik antar individu tarsius Belitung dengan menggunakan gen penanda *Displacement Loop* (D-Loop). Sampel penelitian yang digunakan berupa sampel jaringan telinga. Sampel yang digunakan berasal dari lokasi Bukit Peramun, Desa Air Selumar, Belitung dan dari lokasi Batu Mentas di Desa Kelekak Datuk, Belitung. Tahapan penelitian terdiri dari isolasi DNA total, uji kuantitas dan uji kualitas, amplifikasi DNA, elektroforesis, sekuensing, analisis data dengan menggunakan aplikasi GeneStudio, website BLAST NCBI, program Mega dan DNAsp. Primer DLTARPROF dan DLTARBFR berhasil mengamplifikasi keenam sampel yang ditunjukkan dengan adanya pita *band* DNA yang berkisar antara 418 bp hingga 424 bp. Nilai Hd yaitu 1 pada masing masing populasi sehingga disimpulkan bahwa keenam sampel tersebut memiliki tingkat variasi genetik yang sangat tinggi berdasarkan gen penanda *Displacement Loop* (D-Loop).

kata kunci: variasi genetik, tarsius, *displacement loop*, belitung

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI.....	ii
HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI.....	iii
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH.....	iv
HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH	v
HALAMAN PERSEMBAHAN.....	vi
KATA PENGANTAR.....	vii
SUMMARY	ix
RINGKASAN	x
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR GAMBAR.....	xiii
DAFTAR TABEL.....	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah.....	4
1.3 Tujuan Penelitian	5
1.4 Manfaat Penelitian	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	Error! Bookmark not defined.
2.1 Evolusi Tarsius	Error! Bookmark not defined.
2.2 Persebaran dan Status Konservasi Tarsius ...	Error! Bookmark not defined.
2.3 Karakteristik dan Klasifikasi Tarsius.....	Error! Bookmark not defined.
2.4 DNA Mitokondria (mtDNA)	Error! Bookmark not defined.
2.5 <i>Control Region</i> Displacement Loop (D-Loop).....	Error! Bookmark not defined.
2.6 Variasi Genetik	Error! Bookmark not defined.
2.7 Filogenetik	Error! Bookmark not defined.
BAB III METODE PENELITIAN	Error! Bookmark not defined.
3.1 Waktu dan Tempat.....	Error! Bookmark not defined.

3.2	Alat dan Bahan	Error! Bookmark not defined.
3.3	Cara Kerja.....	Error! Bookmark not defined.
3.3.1	Pengambilan Sampel.....	Error! Bookmark not defined.
3.3.2	Isolasi DNA Total.....	Error! Bookmark not defined.
3.3.3	Uji Kuantitas DNA	Error! Bookmark not defined.
3.3.4	Amplifikasi PCR.....	Error! Bookmark not defined.
3.3.5	Elektroforesis	Error! Bookmark not defined.
3.3.6	Sekuensing DNA	Error! Bookmark not defined.
3.3.7	Analisis Data.....	Error! Bookmark not defined.
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....		Error! Bookmark not defined.
4.1	Hasil Isolasi DNA Total	Error! Bookmark not defined.
4.2	Produk <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)..	Error! Bookmark not defined.
4.3	Total Pasang Basa Gen D-Loop	Error! Bookmark not defined.
4.4	<i>Homology Search Basic Local Alignment Search Tool</i> (BLAST) NCBI	Error! Bookmark not defined.
4.5	Hasil <i>Alignment</i>	Error! Bookmark not defined.
4.6	Analisis Jarak Genetik.....	Error! Bookmark not defined.
4.7	Analisis Filogenetik.....	Error! Bookmark not defined.
4.8	Analisis <i>Haplotype Diversity</i>	Error! Bookmark not defined.
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN		Error! Bookmark not defined.
5.1	Kesimpulan.....	Error! Bookmark not defined.
5.2	Saran	Error! Bookmark not defined.
DAFTAR PUSTAKA		51
LAMPIRAN.....		Error! Bookmark not defined.
DAFTAR RIWAYAT HIDUP		Error! Bookmark not defined.

DAFTAR GAMBAR

2.1	Peta Distribusi Famili <i>Tarsiidae</i>	7
2.2	Genus <i>Tarsius</i> , <i>Carlito</i> dan <i>Cephalopachus</i>	10
2.3	Tarsius Asal Pulau Belitung	11
2.4	Peta DNA Mitokondria pada Tarsius	13
3.1	Peta Lokasi Sampling Tarsius Asal Pulau Belitung	18
4.1	Visualisasi Hasil Elektroforesis dari Hasil Isolasi DNA	28
4.2	Visualisasi Produk PCR.....	30
4.3	Hasil Rekonstruksi Pohon Filogenetik Tarsius Asal Pulau Belitung dengan <i>Outgrup</i>	45

DAFTAR TABEL

3.1	Data Sampel Individu Tarsius Asal Pulau Belitung	19
3.2	Urutan <i>base pair</i> primer D-Loop.....	22
3.3	Komposisi <i>Mastermix</i>	23
3.4	Protokol PCR.....	23
4.1	Hasil Isolasi DNA Total	27
4.2	Total Pasang Basa Gen D-Loop pada Sekuen Tarsius Asal Pulau Belitung	32
4.3	<i>Homology Search BLAST</i> NCBI Sekuen BEL 1 – BEL 6.....	34
4.4	Daerah D-Loop pada Hasil <i>Alignment</i>	37
4.5	Hasil <i>Alignment</i> dan Mutasi Gen.....	38
4.6	Variasi Basa Nukleotida dan Total GAP	40
4.7	Jarak Genetik	42
4.8	Nilai <i>Haplotype Diversity</i>	48

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Surat Izin KLHK dan KSDAE	61
Lampiran 2. Kegiatan Sampling Tarsius Asal Pulau Belitung	62
Lampiran 3. Kegiatan Uji Laboratorium.....	63
Lampiran 4. Hasil <i>NanoDrop</i>	64
Lampiran 5. Hasil <i>Homology Search</i> BLAST NCBI BEL 1 – BEL 6.....	65
Lampiran 6. Daerah D-Loop pada Hasil <i>Alignment</i>	66
Lampiran 7. Hasil <i>Alignment</i> dan Urutan Mutasi Gen Dengan MEGA 11	67
Lampiran 8. <i>Conserved site</i>	68
Lampiran 9. Variabel <i>site</i> (<i>Parsimony-informative site</i>).....	69
Lampiran 10. Variabel <i>site</i> (<i>Singleton site</i>).....	70
Lampiran 11. <i>Haplotype Diversity</i> DNAsp.....	71
Lampiran 12. Data Morfometri Tarsius Asal Pulau Belitung.....	72

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Mamalia yang terdapat di kepulauan Indonesia memiliki karakteristik khas, terutama dalam aspek keanekaragaman serta tingginya tingkat endemisme (Maryanto dan Higashi, 2011). Tingginya endemisme ini tidak hanya ditemukan pada spesies mamalia yang terbatas di dalam pulau, tetapi juga pada spesies yang mampu bermigrasi, beradaptasi, berkolonisasi, dan berspesiasi. Beberapa di antaranya bahkan dapat melintasi berbagai hambatan alam seperti gunung, bukit, dan sungai, serta berpindah antar pulau. Primata yang terdapat di Indonesia terbagi menjadi 9 genus dengan jumlah sebanyak 62 spesies, sedangkan primata endemik yang terdapat di Indonesia dengan jumlah total 48 spesies, salah satu primata endemik terdapat pada genus *Tarsius* (Maryanto *et al.*, 2019).

Tarsius merupakan primata kecil dengan distribusi geografis yang cukup terbatas di Asia Tenggara. *Tarsius* tidak ditemukan di wilayah yang sama secara bersamaan (simpatrik), melainkan tersebar secara alopatrik atau parapatric, yang berarti terpisah secara geografis atau memiliki area pertemuan yang terbatas. Pola distribusi geografis ini memberikan wawasan yang lebih dalam tentang taksonomi dan evolusi *tarsius*. Spesies *tarsius* yang hidup di pulau-pulau berbeda menunjukkan variasi spesifik di setiap pulau. Shekelle (2008), menekankan bahwa memahami distribusi geografis *tarsius* sangat penting untuk menentukan taksonomi *tarsius*.

Pengklasifikasian *tarsius* saat ini dikelompokkan dalam 3 genus yang tersebar secara alopatrik di berbagai wilayah biogeografis. Ketiga genus tersebut memiliki

persebaran yang berbeda, di mana genus *Tarsius* ditemukan di Sulawesi serta pulau-pulau sekitarnya, sementara genus *Carlito* tersebar di beberapa pulau di selatan Filipina, yang pada Zaman Es dahulu merupakan bagian dari daratan yang disebut Mindanao Raya. Adapun genus *Cephalopachus* ditemukan di wilayah terbatas di Sundalandia, khususnya di Pulau Sumatera dan Kalimantan (Groves dan Shekelle, 2010).

Cephalopachus bancanus diketahui memiliki 4 sub-spesies yang telah diidentifikasi, antara lain: *Cephalopachus bancanus* ssp. *bancanus* dari Pulau Bangka dan bagian selatan Sumatera, *Cephalopachus bancanus* ssp. *borneanus* dari pulau Borneo, *Cephalopachus bancanus* ssp. *saltator* dari pulau Belitung dan *Cephalopachus bancanus* ssp. *natunensis* dari pulau Serasan (Groves dan Shekelle, 2010). Kehilangan habitat *Cephalopachus bancanus* disebabkan oleh beberapa faktor, termasuk konversi hutan menjadi area pertambangan timah inkonvensional, perkebunan kelapa sawit besar-besaran, pemukiman, penebangan liar, kebakaran, dan banjir. Selain itu, penurunan populasi *Cephalopachus bancanus* juga dapat dipengaruhi oleh aktivitas seperti perburuan dan perdagangan ilegal (Yustian *et al.*, 2009; Syafutra *et al.*, 2017).

Populasi *Cephalopachus bancanus* ssp. *saltator* di Pulau Belitung diperkirakan memiliki kepadatan sekitar 19 hingga 46 individu per kilometer persegi (Yustian *et al.*, 2009). Berdasarkan Peraturan Pemerintah No. 7 Tahun 1999, spesies ini diklasifikasikan sebagai satwa yang dilindungi. Selain itu, pada tahun 2006, *International Union for Conservation of Nature and Natural Resources* (IUCN) juga menetapkan status konservasi bagi spesies ini sebagai spesies yang

terancam punah (*Endangered*). Penurunan populasi *Cephalopachus* yang terus berlangsung menunjukkan perlunya upaya konservasi yang lebih serius untuk melindungi spesies ini (Shekelle dan Yustian, 2020).

Ancaman utama terhadap kelestarian *Cephalopachus bancanus ssp. saltator* diakibatkan dari adanya aktivitas pertambangan dan perkebunan, terutama kelapa sawit. Kawasan hutan yang sebelumnya mendominasi Pulau Belitung telah mengalami perubahan secara signifikan menjadi area pertambangan dan perkebunan berpotensi memberikan dampak negatif terhadap habitat alami *Cephalopachus bancanus ssp. saltator*. Perubahan ini menyebabkan fragmentasi habitat, sehingga area tempat tinggal spesies tersebut terbagi menjadi kantong-kantong kecil yang terisolasi (Yustian *et al.*, 2009). Satwa yang hidup di lingkungan yang terisolasi lebih rentan mengalami kepunahan. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk mengidentifikasi marka molekuler pada setiap spesies tarsius guna mendukung upaya konservasi (Widayanti dan Solihin, 2007).

Penanda genetik merupakan bagian dari materi genetik, umumnya berupa DNA, yang dapat diidentifikasi dengan mudah dan dimanfaatkan untuk membedakan sel, individu, populasi, atau spesies. Dalam berbagai penelitian, DNA mitokondria (mtDNA) sering digunakan sebagai salah satu jenis penanda genetik (Wirdateti *et al.*, 2015). DNA mitokondria dipilih sebagai penanda genetik karena jumlah salinan yang banyak sehingga mudah di dapat dari sel, ukuran yang relatif kecil (sekitar 16,5 kb) sehingga mempermudah amplifikasi, diwariskan secara maternal dan beberapa gen mitokondria mengalami mutasi lebih cepat dibandingkan gen inti (Wertz, 2000).

DNA mitokondria mengandung sejumlah gen serta satu daerah kontrol yang disebut D-loop, yang tidak berperan dalam pengkodean protein. Karena mutasi di daerah ini tidak berdampak pada fungsi protein, D-loop memiliki toleransi mutasi yang tinggi, sehingga tingkat variasinya lebih besar dibandingkan dengan wilayah lain. Akibatnya, D-loop menjadi bagian dari mtDNA dengan tingkat polimorfisme tertinggi (Purwantini *et al.*, 2013). Tingginya tingkat polimorfisme pada daerah D-loop dalam rantai mtDNA disebabkan karena pada daerah ini menunjukkan tingkat keragaman yang signifikan di antara individu-individu yang tidak memiliki hubungan kekerabatan maternal (Satriyanti dan Anggita, 2018).

Secara khusus, *control region* (CR) atau wilayah *displacement loop* (D-loop) adalah area utama *non-coding* yang mengatur transkripsi dan replikasi DNA mitokondria. Tingkat substitusi yang lebih tinggi di *Control Region* atau *displacement loop* (D-Loop), dibandingkan bagian lain dari DNA mitokondria, sehingga dapat digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetik baik intraspesifik dan interspesifik (Loehr *et al.*, 2006).

Berdasarkan uraian tersebut, analisis variasi genetik tarsius asal Pulau Belitung diperlukan untuk melihat apakah setiap individu Tarsius asal Pulau Belitung yang diambil melalui titik lokasi pengambilan sampel yang berbeda memiliki suatu variasi genetik yang akan digunakan untuk salah satu upaya konservasi genetik.

1.2 Rumusan Masalah

Pembukaan lahan yang terjadi di Pulau Belitung telah menyebabkan dampak lingkungan yang signifikan. Hasil survei awal mengungkapkan bahwa habitat

tarsius di Pulau Belitung sebagian besar berada di hutan sekunder dan di luar kawasan hutan lindung. Kondisi ini menjadi ancaman signifikan bagi tarsius asal Pulau Belitung, sebagai primata endemik yang menghuni pulau tersebut. Keberadaan tarsius asal Pulau Belitung saat ini cukup memprihatinkan, karena statusnya telah dinyatakan sebagai *Endangered* atau terancam punah dan belum mendapatkan perhatian yang memadai dalam hal konservasi genetik, sehingga informasi genetiknya masih sangat terbatas. Untuk menangani masalah ini, diperlukan penelitian lebih lanjut tentang analisis variasi genetik pada individu tarsius asal Pulau Belitung menggunakan penanda genetik *Displacement Loop* (D-Loop).

1.3 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genetik antar individu tarsius asal Pulau Belitung dengan menggunakan gen penanda *Displacement Loop* (D-Loop).

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan mampu menjadi sumber data ilmiah berupa informasi genetik tarsius asal Pulau Belitung yang selanjutnya dapat digunakan sebagai data acuan konservasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Akbar, N. dan Labenua, R. (2020). Struktur Genetik Populasi Ikan Cakalang, *Katsuwonus pelamis* (Linnaeus, 1758) di Perairan Laut Maluku Utara, Indonesia. *J. Ilmu Dan Teknologi Kelautan Tropis*. 12(2): 407–419.
- Akbar, N., Zamani, N. dan Madduppa, H. (2014). Keragaman Genetik Ikan Tuna Sirip Kuning (*Thunnus albacares*) dari Dua Populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*. 3(1): 65–73.
- Agrawal, A. and Huang, X. (2009). Pairwise Statistical Significance of Local Sequence Alignment using Sequence-specific and Position-specific Substitution Matrices. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*. 8(1): 194-205.
- Anam, K., Cahyadi, W., Azmi, I., Senjarini, K. dan Oktarianti, R. (2021). Analisis Hasil Elektroforesis DNA dengan Image Processing Menggunakan Metode Gaussian Filter. *IJEIS (Indonesian Journal of Electronics and Instrumentation Systems)*. 11(1): 37.
- Annesley, S. J. and Fisher, P. R. (2019). Mitochondria in Health and Disease. *Cells*. 8(7): 680.
- Arifin, J dan D. Mulliadi. 2010. Pendugaan Keseimbangan Populasi Heterozigositas Menggunakan Pola Protein Albumin Darah Pada Populasi Domba Ekor Tipis (*Javanese thin tailed*) di Daerah Indramayu. *Jurnal Ilmu Ternak*. 10(2): 65 – 72.
- Aristya, G. R., Putri, F., Kasiamdari, R. S. and Musthofa, A. (2020). DNA Barcoding and Phylogenetic Analysis Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) Based on m atK (m aturase K) Gene. *Key Engineering Materials*. 840: 162-170.
- Asih, N. P. S. and Daryono, B. S. (2023). Genetic Diversity and Phylogeny of *Alocasia Longiloba* Miq. Indonesia Accessions based on trnL-F Intergenic Spacer Region. *JST (Jurnal Sains dan Teknologi)*. 12(2): 485-493.
- Asphama, A. I. (2014). Analisis Keragaman Genetik Spesies Kompleks *Portunus pelagicus* (Linnaeus, 1758) di Perairan Barru Berdasarkan Karakter Morfologi dan DNA. *Tesis*. Makassar: Program PascaSarjana Universitas Hasanuddin Makassar.
- Astarini, I. A., Ardiana, S. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, A. and Al Malik, D. (2021). Genetic Diversity and Phylogenetic of Longtail Tuna (*Thunnus tonggol*) Landed in Pabean Fish

- Market, Surabaya. *Musamus Fisheries and Marine Journal*. 3(2): 107–115.
- Bagus, W. I., Wirawan, G. P. dan Adiartayasa, I. W. (2019). Analisis Homologi Fragmen DNACVPDr dari Jeruk Kinkit *Trophasia trifolia* menggunakan BLAST Protein Dan BLAST Nukleotida. *Jurnal Agroekoteknologi Tropika*. 8(4): 381-387.
- Blazewicz, J., Bryja, M., Figlerowicz, M., Gawron, P., Kasprzak, M., Kirton, E., Platt, D., Przybytek, J., Swiercz, A. and Szajkowski, L. (2009). Whole Genome Assembly From 454 Sequencing Output Via Modified DNA Graph Concept. *Computational Biology and Chemistry*. 33(3): 224-230.
- Boumajdi, N., Bendani, H., Belyamani, L. and Ibrahim, A. (2024). TreeWave: Command Line Tool for Alignment-free Phylogeny Reconstruction based on Graphical Representation of DNA Sequences and Genomic Signal Processing. *BMC bioinformatics*. 25(1): 1-17.
- Budiarsa, I. M., Dhafir, F. dan Suprianto, S. (2022). Studi In Silico: Hasil BLAST Gen Clock pada *Megapodiidae*. *JRST (Jurnal Riset Sains dan Teknologi)*. 6(1): 33-40.
- Challa, S. and Neelapu, N. R. R. (2019). Phylogenetic Trees: Applications, Construction and Assessment. *Essentials of Bioinformatics, Volume III: In Silico Life Sciences: Agriculture*. 167-192.
- Clayton, D.A. (1992). Transcription and Replication of Animal Mitochondrial DNAs. *Int. Rev. Cytol.* 141: 217-222.
- Da Fonseca, R. R., Johnson, W. E., O'Brien, S. J., Ramos, M. J. and Antunes, A. (2008). The Adaptive Evolution of the Mammalian Mitochondrial Genome. *BMC genomics*. 9: 1-22.
- Devereux, R. and S.S. Wilkinson. 2004. *Amplification of Ribosomal RNA Sequences*. Kluwer Academic Publisher, Netherlands.
- Dharmayanti, N. L. P. I. (2011). Filogenetika Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *Wartazoa*. 21(1): 1-10.
- Ellegren, H. and Galtier, N. (2016). Determinants of Genetic Diversity. *Nature Reviews Genetics*. 17(7): 422-433.
- Fahlevi, M. R., Bakti, D., Sitepu, S. F. and Prasetyo, A. E. (2018). Insect Molecular Characterization of *Elaeidobius kamerunicus* Faust. (*Coleoptera; Curculionidae*) From North Sumatra Using Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP). *Jurnal Online Agroekoteknologi*. 6(2): 259-270.

- Fakhri, F., Narayani, I., dan Mahardika, I. G. N. K. (2015). Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *Jurnal Biologi*. 19(1): 11-14.
- Fauziyyah, I. dan Suhadi. (2021). Variasi Sekuen dan Filogenetik *Leptocorisa oratorius* (Fabricus) di Jawa Timur Berdasarkan Gen COX2. *Jurnal Ilmu Hayat*. 5(2): 71-79.
- Fitmawati, F., Fauziah, R., Hayati, I., Sofiyanti, N., Inoue, E. and Matra, D. D. (2017). Phylogenetic Analysis of *Mangifera* from Central Region of Sumatra using trnL-F Intergenic Spacer. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 18(3): 1035-1040.
- Fitriana, F., Prasetyo, L. B. dan Kartono, A. P. (2016). Habitat Preferensial Tarsius Belitung (*Cephalopachus bancanus saltator* Elliot, 1910). *Media Konservasi*. 21(2): 174-182.
- Fleagle, J. (2013). *Primate Adaptation and Evolution*. Academic Press.
- Griffiths, A. J. F., J. H. Miller., R. C. Lewontin and W. M. Gelbart. (2000). *An Introduction to Genetic Analysis, 7th Edition*. New York : W. H. Freeman.
- Groves, C. and Shekelle, M. (2010). The Genera and Species of Tarsiidae. *International Journal of Primatology*. 31: 1071-1082.
- Habibie, F. (2017). Multiple Sequence Alignment Secara Paralel Menggunakan MPI (Message Passing Interface). (*Doctoral Dissertation*, Universitas Gadjah Mada).
- Handoyo, D dan Rudiretna, A. (2001). Prinsip Umum dan Pelaksanaan *Polymerase Chain Reaction* (PCR). *Unitas*. 9(1): 17-29.
- Harrison, I., M. Lavery and E. Sterling. (2004). *Genetic Diversity*. Connexions Module.
- Hartig, G., Churakov, G., Warren, W. C., Brosius, J., Makałowski, W., and Schmitz, J. (2013). Retrophylogenomics Place Tarsiers on the Evolutionary Branch of Anthropoids. *Scientific Reports*. 3(1): 1756.
- Hidayat, T. dan Pancoro, A. (2019). Ulasan Kajian Filogenetika Molekuler dan Perannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *Jurnal AgroBiogen*. 4(1): 35-40.
- Hoong, L. L. and Lex, K. C. (2005). Genetic Polymorphisms In Mitochondrial DNA Hypervariable Regions I, II and III of the Malaysian population. *Asia Pacific Journal of Molecular Biology and Biotechnology*. 13(2): 79-85.

- Huy, T. G., Anh, N. T. K. and Lien, N. T. (2020). Construction of DNA Ladder based on 16S rRNA Gene of *Bacillus subtilis* using Touchdown PCR Technique. *Malaysian Journal of Microbiology*. 16(5): 425-431.
- Indrawan, M., Primack, R.B. dan Supriatna, J. (2012). *Biologi Konservasi*. Jakarta (ID): Yayasan Obor Indonesia.
- Irawan, B. (2013). *Karsinologi Dengan Penjelasan Deskriptif dan Fungsional*. Airlangga University Press.
- Kang, S., Yoo, J. and Myung, K. (2024). PCNA Cycling Dynamics during DNA Replication and Repair in Mammals. *Trends in Genetics*. 40(6): 526-539.
- Kapli, P., Yang, Z. and Telford, M. J. (2020). Phylogenetic Tree Building in The Genomic Age. *Nature Reviews Genetics*. 21(7): 428-444.
- Kasi, P.D., Ariandi dan Tenriawaru, E.P. (2019). Identifikasi Bakteri Asam Laktat dari Limbah Cair Sagu dengan Gen 16S rRNA. *Majalah Ilmiah Biologi Biosfera*. 36(1): 35-40.
- Khosravinia, H., H.N.N. Murthy, D.T. Parasad, and N. Pirany. (2007). Optimizing Factors Influencing DNA Extraction from Fresh Whole Avian Blood. *African Journal of Biotechnology*. 6(4): 481-486.
- Kress, W. J., Prince, L. M. and Williams, K. J. (2002). The Phylogeny and a New Classification of The Gingers (*Zingiberaceae*): Evidence From Molecular Data. *American Journal of Botany*. 89(10): 1682-1696.
- Lemey, P., Salemi, M. and Vandamme, A. M. (2009). *The phylogenetic handbook: a practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing*. Cambridge University Press.
- Li, B., Li, L., Wang, W., Meng, J., Xu, F., Wu, F. and Zhang, G. (2020). Characterization of Free Fatty Acid Receptor 4 and Its Involvement in Nutritional Control and Immune Response in Pacific Oysters (*Crassostrea gigas*). *ACS omega*. 5(34): 21355-21363.
- Li, W. and Graur, D. (1991). *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates.
- Loehr, J., Worley, K., Grapputo, A., Carey, J., Veitch, A., and Coltman, D. W. (2006). Evidence For Cryptic Glacial Refugia from North American Mountain Sheep Mitochondrial DNA. *Journal of Evolutionary Biology*. 19(2): 419-430.

- Lubis, K. (2014). Cara Pembuatan Pohon Filogeni. *Jurnal Pengabdian Kepada Masyarakat*. 20(75): 66–69.
- Madilindi, M. A., Banga, C. B., Bhebhe, E., Sanarana, Y. P., Nxumalo, K. S., Taela, M. G., Magagula, B.S. and Mapholi, N. O. (2020). Genetic Diversity and Relationships Among Three Southern African Nguni cattle Populations. *Tropical animal health and production*. 52(2): 753-762.
- Maryanto, I. and Higashi, S. (2011). Comparison of Zoogeography Among Indonesian Rats, Fruit Bats and Insectivorous Bats In Indonesia. *Treubia*. 38: 33-52
- Maryanto, I., Maharadatunkamsi, A. A., Achmadi, A. S., Sulistyadi, E., Yoneda, M., Suyanto, A. and Sugardjito, J. (2019). *Checklist of The Mammals of Indonesia: Scientific, English, Indonesia Name and Distribution Area Table in Indonesia Including CITES, IUCN and Indonesian Category for Conservation*. Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia, Bogor.
- Menu, E., Mary, C., Toga, I., Raoult, D., Ranque, S. and Bittar, F. (2018). Evaluation of Two DNA Extraction Methods For The PCR-based Detection of Eukaryotic Enteric Pathogens in Fecal Samples. *BMC research notes*. 11(206): 1-6.
- Merker, S., C. Driller, H. Dahrudin, Wirdateti, D. Perwitasari-F, W. Sinaga and M. Shekelle. (2010). Tarsius: A New Tarsier Spesies From Central Sulawesi Occupies a Dicontinuous Range. *International Journal of Primatology*. 31: 1107-1122.
- Mertens, G., Rand, S., Jehaes, E., Leijnen, G., Jacobs, W. and Van Marck, E. (2008). Forensic Evaluation and Population Data of 11 Y-STRs In Moroccan Immigrants in Belgium. *Open Forensic Science Journal*. 1: 19-25.
- Mittermeier, R. A., Rylands, A. B., and Wilson, D. E. (2013). *Handbook of the Mammals of the World. Vol. 3. Primates*. Lynx Edicions: Barcelona, Spain.
- Mollah, A., Ashan, M. A. and Khatimah, A. H. (2022). Uji Kualitas dan Kuantitas DNA Porang (*Amorphophallus muelleri* Blume) pada Beberapa Kawasan di Sulawesi Selatan. *Jurnal Agritechno*. 15(1): 1-7.
- Monalisa, E., Mantiri, F. R. dan Lengkong, H. J. (2019). Kajian Variasi Sekuens Interspesies dan Filogeni Kelelawar *Pteropus* sp. Menggunakan Gen COI. *Jurnal MIPA*. 8(2): 71.

- Muladno, M. S. A. (2002). *Seputar Teknologi Rekayasa Genetika*. Pustaka Wirausaha Muda, Edisi pertama, Bogor.
- Muliani, D. R., Yulianda, F. dan Butet, N. A. (2020). Karakteristik Gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) Tiram Daging dari Genus *Crassostrea* Sebagai Identitas Jenis di Delta Cimanuk, Jawa Barat. *Jurnal Moluska Indonesia*. 4(1): 8–16.
- Nei, M., and Tajima, F. (1981). DNA Polymorphism Detectable by Restriction Endonucleases. *Genetics*. 97(1): 145-163.
- Nestor, B. J., Bayer, P. E., Fernandez, C. G. T., Edwards, D. and Finnegan, P. M. (2023). Approaches to Increase The Validity of Gene Family Identification Using Manual Homology Search Tools. *Genetica*. 151(6): 325-338.
- Ningrum, W. D. A., Atmaja, M. B., Daryono, B. S. and Purnomo, P. (2020). Genetic Variability of *Begonia longifolia* Blume from Indonesia based on Nuclear DNA Internal Transcribed Spacer (ITS) Sequence Data. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 21(12).
- Nonić, M. and Šijačić-Nikolić, M. (2021). Genetic Diversity: Sources, Threats, and Conservation. *Life on land*. 53(1): 421-435.
- Octavianus, R. (2020). Populasi dan Karakteristik Habitat Tarsius (*Cephalopachus bancanus borneanus*) di Punggualas, Taman Nasional Sebangau. *Jurnal Jejaring Matematika dan Sains*.
- Oliveira, G. B., Pedrini, H. and Dias, Z. (2023). TEMPROT: Protein Function Annotation using Transformers Embeddings and Homology Search. *BMC bioinformatics*. 24(1): 2-16.
- Pagala, M. A. (2020). *Teknologi Biomarka Molekuler*. Universitas Halu Oleo Press.
- Pangestika, Y., Budiharjo, A. dan Kusumaningrum, H. P. (2015). Analisis Filogenetik *Curcuma zedoaria* (Temu Putih) Berdasarkan Gen Internal Transcribed Spacer (ITS). *Jurnal Akademika Biologi*. 4(4): 8-13.
- Pedrosa, G. I. R., Agmata, A. B. and Santos, M. D. (2015). Genetic Diversity, Population Genetic Structure, and Demographic History of *Auxis thazard* (Perciformes), *Selar crumenophthalmus* (Perciformes), *Rastrelliger kanagarua* (Perciformes) and *Sardinella lemuru* (Clupeiformes) in Sulu-Celebes Sea Inferred by Mitochondrial DNA Sequences. *Fisheries research*. 162: 64-74.

- Perry, G. H., Verrelli, B. C., and Stone, A. C. (2006). Molecular Evolution of The Primate Developmental Genes MSX1 and PAX9. *Molecular biology and evolution*. 23(3): 644-654.
- Pertiwi, N.P.N., Mahardika, I.G.N.K dan Watininiasih, N.L. (2015). Optimasi Amplifikasi DNA Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) Pada Ikan Karang Anggota Famili *Pseudochromidae* (*Dottyback*) untuk Identifikasi Spesies Secara Molekular. *Jurnal Biologi*. 19(2): 1-5.
- Purwantini, D. Yuwanta T. Hartatik T dan Ismoyowati. (2013). Polymorphism of D-loop Mitochondria DNA Region and Phylogenetic in Five Indonesian Native Duck Populaion. *International Journal of Poultry Science*. 12(1): 55-63.
- Ratnayani, K. I. N., Wirajana dan Laksmiwati. (2007). Analisis Variasi Nukleotida Daerah D-loop DNA Mitokondria pada Satu Individu Suku Bali Normal. *Jurnal Kimia*. 1(1):7-14.
- Retnaningati, D. (2017). Hubungan Filogenetik Intraspesies *Cucumis melo* L. Berdasarkan DNA Barcode Gen matK. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*. 2(2): 62-67.
- Roos, C., Boonratana, R., Supriatna, J., Fellowes, J. R., Groves, C. P., Nash, S. D. and Mittermeier, R. A. (2014). An Updated Taxonomy and Conservation Status Review of Asian primates. *Asian Primates Journal*.
- Ruokonen, M. (2001). Phylogeography and Conservation Genetics of The Lsser White-Fronted Goose (*Anser erythropus*). *Dissertation*. Departement of Biology University of Oulu. Finland.
- Sambrook, J. and Russell, D. W. (2001). *Molecular Cloning: Ch. 8. In Vitro Amplification of DNA by The Polymerase Chain Reaction* (Vol. 2). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sari, S. K., Listyorini, D., Mazieda, M. N. dan Sulasmi, E. S. (2014). Optimasi Teknik Isolasi dan Purifikasi DNA pada Daun Cabai Rawit (*Capsicum frutescens* cv. Cakra Hijau) menggunakan Genomic DNA Mini Kit (Plant) GENE AID. In *Proceeding Biology Education Conference: Biology, Science, Enviromental, and Learning*. 11(1): 65-70.
- Satiyarti, R. B., and Anggita, R. (2018). Endogamy Marriage Mitochondrial DNA Variation of North Cigintung Garut Isolates. *Biosfer: Jurnal Tadris Biologi*. 9(1): 72-83.

- Schmitz, J., Noll, A., Raabe, C. A., Churakov, G., Voss, R., Kiefmann, M. and Warren, W. C. (2016). Genome Sequence of The Basal Haplorrhine Primate *Tarsius syrichta* Reveals Unusual Insertions. *Nature Communications*. 7(1): 12997.
- Segura-Alabart, N., Serratosa, F. and Fernández, A. (2024). A Practical Study of The Proportion of Non-unique Neighbor-Joining Trees of Microsatellite Markers. *Computational and Structural Biotechnology Reports*. 100022.
- Sekino, M., Hara, M. and Taniguchi, N. (2001). Genetic Diversity Within and Between Hatchery Strains of Japanese Flounder *Paralichthys olivaceus* Assessed by Means of Microsatellite and Mitochondrial DNA Sequencing Analysis. *Ecology of Aquaculture Species And Enhancement of Stocks*. 43.
- Shekelle, M. (2008). Distribution and Biogeography of Tarsiers. *Primates of The Oriental Night*. 13-28.
- Shekelle, M. dan Yustian, I. (2020). *Cephalopachus bancanus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2020: e.T21488A17976989. Accessed on 23 August 2023.
- Shekelle, M., C. Groves, S. Merker, and J. Supriatna. (2008). *Tarsius tumpara*: A New Tarsier Species from Siau Island, North Sulawesi. Bogor: Indonesia. *Primate Conservation*. (23): 55-64.
- Shokolenko, I., and Alexeyev, M. (2022). Mitochondrial DNA: Consensuses and Controversies. *Dna*. 2(2): 131-148.
- Simatupang, N. F. (2012). Karakterisasi Ragam Genetik Ikan Sepat (*Trichogaster pectoralis*) Berdasarkan Analisis RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) dan Morfometrik. *Skripsi*. Bogor: Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor.
- Singh, G. B. (2015). Fundamentals of bioinformatics and computational biology. *Cham: Springer International Publishing*.
- Sulandari, S. dan Zein, M. A. (2009). Analisis D-loop DNA Mitokondria Untuk Memposisikan Ayam Hutan Merah Dalam Domestikasi Ayam di Indonesia. *Media Peternakan*. 32(1).
- Sumida, M., Kaneda, H., Kato, Y., Kanamori, Y., Yonekawa, H., and Nishioka, M. (2000). Sequence Variation and Structural Conservation In the D-loop Region and Flanking Genes of Mitochondrial DNA From Japanese Pond Frogs. *Genes & genetic systems*. 75(2): 79-92.

- Sun, S. E., Li, Q. I., Kong, L., Yu, H., Zheng, X., Yu, R., Dai, L., Sun, Y., Chen, J., Liu, J., Ni, L., Feng, Y., Yu, Z., Zou, S. and Lin, J. (2016). DNA Barcoding Reveal Patterns of Species Diversity Among Northwestern Pacific Molluscs. *Scientific Reports*. 6(1): 33367.
- Supriatna, J. dan Wahyono, E. H. (2000). *Panduan Lapangan Primata Indonesia*. Jakarta: Yayasan Obor Indonesia.
- Syafutra, R., Alikodra, H. S. dan Iskandar, E. (2017). Distribution and Population of Mentilin (*Cephalopachus bancanus bancanus*) in Bangka Regency. *Current Research Journal of Biological Sciences*. 9(1): 9-15.
- Tallei, T. E., Rembet, R. E., Pelealu, J. J. and Kolondam, B. J. (2016). Sequence Variation and Phylogenetic Analysis of *Sansevieria trifasciata* (*Asparagaceae*). *Bioscience Research*. 13(1): 01-07.
- Tindi, M., Mamangkey, N. G. F. and Wullur, S. (2017). The DNA Barcode and Molecular Phylogenetic Analysis Several Bivalve Species from North Sulawesi Waters based on COI Gene. *Junal Pesisir dan Laut Tropis*. 1(2): 32-38.
- Warseno, T., Efendi, M., Chasani, A. R. and Daryono, B. S. (2022). Genetic Variability and Phylogenetic Relationships of *Begonia multangula* based on atpB-rbcL Non-coding Spacer of cpDNA Sequences. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 23(10): 5491-5501.
- Wertz, D. C. (2000). *The DNA Ancestry*. Geneletter.
- Widayanti, R., dan Solihin, D. D. (2007). Kajian Penanda Genetik *Tarsius bancanus* dan *Tarsius spectrum* dengan Sekuen D-Loop Parsial DNA Mitokondria. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*. 170-176.
- Widayanti, R., dan Susmiati, T. (2012). Studi Keragaman Genetik *Tarsius* sp. Asal Kalimantan, Sumatera, dan Sulawesi Berdasarkan Sekuen Gen NADH Dehidrogenase Sub-Unit 4L (ND4L). *Jurnal Kedokteran Hewan-Indonesian Journal of Veterinary Sciences*. 6(2).
- Wirdateti., Wulandari, S. W. dan Kuswandi, P. C. (2015). Penanda Genetik *Tarsius* (*Tarsius* ssp.) Dengan Menggunakan Gen Cytochrome Oxidase I (COI) DNA Mitokondria (mtDNA) Melalui Metode Sekuensing. *Jurnal Biologi Indonesia*. 11(2): 275-284.
- Yustian, I. (2007). Ecology and Conservation Status of *Tarsius bancanus saltator* on Belitung Island. Indonesia. *Disertasi*. Gottingen (DE): Cuvillier Verlag.

- Yustian, I., Merker, S. dan Muehlenberg, M. (2009). Luas Daerah Jelajah dan Estimasi Kepadatan Populasi *Tarsius bancanus saltator* di Pulau Belitung. *J Biol Indon.* 5(4): 411-421.
- Zein, M. S. dan Fitriana, Y. S. (2015). Barcoding DNA pada Komunitas Kelelawar Pemakan Buah di Indonesia. *Jurnal Biologi Indonesia.* 11(1). 51-62.
- Zhang, G., Fang, X., Guo, X., Li, L. I., Luo, R., Xu, F., Yang, P., Zhang, L., Hang, X., Qi, H., Xiong, Z., Que, H., Xie, Y., Holland, P. W. H., Paps, J., Zhu, Y., Wu, F., Chen, Y., Wang, J., Peng, C., Meng, J., Yang, L., Liu, J., Wen, B. and Wang, J. (2012). The Oyster Genome Reveals Stress Adaptation and Complexity of Shell Formation. *Nature.* 490(7418): 49-54.
- Zhao, E., Yu, Q., Zhang, N., Kong, D. and Zhao, Y. (2013). Mitochondrial DNA Diversity and The Origin of Chinese Indigenous Sheep. *Tropical animal health and production.* 45: 1715-1722.