

**DNA MITOKONDRIA SEBAGAI *BARCODE* UNTUK
IDENTIFIKASI SATWA LIAR DALAM UPAYA
KEBERHASILAN PELESTARIANNYA**



UNIVERSITAS GADJAH MADA

**Pidato Pengukuhan Jabatan Guru Besar
Dalam Bidang Ilmu Biokimia
Pada Fakultas Kedokteran Hewan
Universitas Gadjah Mada**

**Oleh:
Prof.Dr.drh. Rini Widayanti, MP.**

Bismillahirrahmanirrahim

Assalamualaikum warahmatullahi wabarakatuh
Salam Sejahtera, Shalom, Om Swastiastu, Namó Buddhaya,
Salam Kebajikan

Yang saya hormati,
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Majelis Wali Amanat
Rektor dan para Wakil Rektor Universitas Gadjah Mada
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Dewan Guru Besar
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Akademik
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Fakultas Kedokteran
Hewan Universitas Gadjah Mada
Dekan, dan para Wakil Dekan Fakultas Kedokteran Hewan
UGM

segenap sivitas akademika Universitas Gadjah Mada
Para tamu undangan, sanak saudara, serta hadirin yang
berbahagia.

Pertama-tama marilah kita panjatkan puji syukur ke hadirat
Allah SWT atas limpahan rahmat dan karunia Nya sehingga pada
kesempatan yang baik ini kita dapat bersama-sama hadir di Balai
Senat Unversitas Gadjah Mada dalam rangka mengikuti acara
pidato pengukuhan saya sebagai Guru Besar dalam bidang ilmu
Biokimia, dengan judul:

**“DNA mitokondria sebagai *barcode* untuk identifikasi
satwa liar dalam upaya keberhasilan pelestariannya”**

Hadirin yang saya hormati,

Pendahuluan

Indonesia merupakan negara kepulauan yang terletak di antara benua Asia dan Australia, serta di antara Samudra Pasifik dan Hindia, dengan lebih dari 1700 pulau. Wilayah ini terletak pada lintang 6°LU-11°LS dan bujur 95°BT-141°BT, dan memiliki ciri-ciri bioregion yang ditentukan oleh garis Wallace, garis Weber, dan garis Lydekker. Garis Wallace memisahkan wilayah fauna Asia dan Australia, dengan bagian baratnya memiliki spesies Asia dan bagian timurnya memiliki spesies Australia. Meskipun distribusi flora dan fauna saat ini dipengaruhi oleh berbagai faktor seperti migrasi, perdagangan, fragmentasi habitat, dan pengenalan spesies baru oleh manusia, perubahan iklim global juga dapat mengubah pola distribusi ini seiring dengan berjalannya waktu. Indonesia, sebagai negara megabiodiversitas, memiliki dua kawasan penting (hotspots) keanekaragaman hayati yang terancam, yaitu Sunda Barat dan Wallacea, serta Kawasan hutan hujan tropis di Melanesia termasuk Papua, yang semua ini berperan penting dalam pengembangan teori Biogeografi berdasarkan konsep Wallacea.

Indonesia sebagai negara megabiodiversitas

Indonesia dianggap sebagai negara megabiodiversitas karena memiliki faktor-faktor yang menjadikannya salah satu negara paling kaya akan keanekaragaman hayati di dunia. Beberapa faktor tersebut meliputi letak geografis yang unik di antara dua benua dan dua samudra, topografi yang beragam, iklim tropis yang hangat dan lembap sepanjang tahun, ribuan pulau yang menciptakan isolasi geografis, beragam tipe ekosistem seperti hutan *mangrove*, terumbu karang, savana, rawa-rawa, dan hutan hujan tropis, serta diversitas budaya yang

mencerminkan keanekaragaman biologisnya. Pemerintah Indonesia selama ini telah mengambil langkah-langkah untuk melestarikan keanekaragaman hayatinya melalui pembentukan taman nasional, kawasan konservasi, dan upaya pelestarian lainnya. Namun, keanekaragaman hayati Indonesia juga menghadapi ancaman serius seperti deforestasi, perubahan iklim, dan perburuan ilegal, sehingga pelestarian lingkungan hidup menjadi sangat penting untuk masa depannya. Selain itu, Indonesia juga memiliki kekayaan sumber daya genetik yang tinggi baik di darat maupun di perairan, termasuk satwa liar yang semakin langka di habitatnya serta ikan dari perairan air tawar dan air laut.

Hadirin yang saya hormati

Mengapa untuk konservasi perlu identifikasi satwa secara molekuler?

Identifikasi satwa secara molekuler sangat penting dalam upaya konservasi alam dan pelestarian biodiversitas karena alasan berikut:

Pertama, Identifikasi spesies yang tidak dapat dikenali secara morfologi (penampilan fisik) merupakan suatu kebutuhan karena beberapa spesies mungkin sulit atau bahkan tidak dapat dibedakan secara morfologi dengan spesies lain yang serupa.

Pengukuran keragaman genetik dalam suatu populasi atau spesies merupakan aspek penting dari konservasi. Keanekaragaman genetik memainkan peran kunci dalam ketahanan populasi terhadap perubahan lingkungan, penyakit, dan perubahan genetik yang dapat terjadi dari waktu ke waktu.

Melalui teknik seperti pemetaan DNA sidik jari, kita dapat melacak individu-individu tertentu dalam populasi. Informasi ini

berguna untuk memantau perilaku migrasi, perkembangbiakan, dan perilaku lainnya yang relevan dalam manajemen konservasi. Identifikasi molekuler juga membantu dalam **mendeteksi adanya hibridisasi** antara spesies yang berbeda. Ini menjadi krusial dalam situasi dimana spesies asli sedang terancam oleh persilangan dengan spesies invasif atau non-asli.

Kedua, dengan identifikasi molekuler, **hubungan keluarga antara individu dalam populasi**, serta keterkaitan satu sama lain dalam populasi yang berbeda, identifikasi molekuler sangat membantu. Informasi ini krusial dalam merencanakan program pemuliaan dan manajemen yang efektif.

Ketika kita berupaya **mengembalikan populasi satwa liar**, identifikasi molekuler membantu dalam pemilihan individu yang akan dikembalikan atau dipindahkan ke habitat baru. Hal ini memastikan bahwa individu yang dipilih memiliki keragaman genetik yang sesuai dan tidak membawa risiko penyakit atau masalah genetik tertentu.

Ketiga, tidak kalah pentingnya, identifikasi molekuler digunakan untuk **mendeteksi penyakit atau patogen** yang dapat mengancam populasi satwa liar. Dengan mendeteksi infeksi atau penyakit sejak dini, kita dapat mengambil tindakan preventif dan pengobatan yang sesuai untuk melindungi populasi tersebut.

Hadirin yang saya hormati

DNA mitokondria dipilih untuk deteksi keragaman genetik dan deteksi kekerabatan tingkat spesies

DNA mitokondria (mtDNA) sering digunakan dalam penelitian genetika dan evolusi karena memiliki beberapa keunggulan. Pertama, jumlah mtDNA dalam sel sangat melimpah, sehingga dapat diekstraksi dari jumlah sampel yang

kecil. Selain itu, mtDNA lebih kecil ukurannya dibandingkan dengan DNA inti sel, sehingga analisis sekuensinya lebih cepat dan ekonomis. Tingkat variabilitas mtDNA tinggi karena mitokondria rentan terhadap kerusakan, menyebabkan akumulasi mutasi seiring waktu. Selain itu, mtDNA tidak dibungkus protein *Histone* seperti DNA inti sel, sehingga lebih rentan terhadap kerusakan lingkungan. MtDNA juga tidak mengalami rekombinasi seperti DNA inti sel, sehingga dapat digunakan untuk melacak garis keturunan maternal dalam studi genetika.

Genome mtDNA terdiri dari 37 gen, termasuk 13 gen yang menyandi protein respirasi, 22 gen tRNA, 2 gen rRNA, dan daerah pengontrol *D-loop* yang memiliki tingkat mutasi yang tinggi. Semua gen dalam mtDNA memiliki tingkat mutasi yang lebih tinggi dibanding DNA inti, menjadikannya ideal untuk menganalisis keragaman genetik pada tingkat takson, spesies, dan individu.

Hadirin yang saya hormati

Beberapa metode yang dapat digunakan dalam identifikasi dan analisis kekerabatan satwa:

Analisis DNA mitokondria adalah salah satu metode yang berguna dalam penelitian kekerabatan dan identifikasi satwa. Prinsip ini penting karena DNA mitokondria (mtDNA) memiliki karakteristik tertentu. Beberapa metode yang dapat digunakan dalam analisis DNA mitokondria untuk identifikasi satwa dan kekerabatan meliputi:

Sekuensing DNA Mitokondria: Sekuensing adalah metode untuk menentukan urutan nukleotida dalam DNA. Metode ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies satwa dengan

cara membandingkan urutan nukleotida DNA mitokondria dari sampel yang tidak diketahui dengan urutan nukleotida DNA mitokondria dari spesies yang diketahui. **PCR (Polymerase Chain Reaction) MtDNA:** PCR adalah metode untuk melipatgandakan DNA. Metode ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies satwa dengan cara memperbanyak fragmen DNA mitokondria yang spesifik untuk spesies tertentu yang kemudian dapat digunakan untuk analisis lebih lanjut menggunakan pendekatan bioinformatik. **Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP)** adalah metode untuk mendeteksi perbedaan dalam panjang fragmen DNA yang dihasilkan oleh enzim restriksi. Metode ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies satwa dengan cara membandingkan pola amplicon RFLP DNA mitokondria dari sampel yang tidak diketahui dengan pola amplicon RFLP DNA mitokondria dari spesies yang diketahui. **Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP)** adalah metode yang digunakan untuk mendeteksi variasi dalam sekuen mtDNA dengan mengukur perbedaan dalam mobilitas fragmen DNA pada gel poliakrilamida. **Metode Molekuler lainnya:** Selain metode yang telah disebutkan sebelumnya, ada juga berbagai teknik molekuler lainnya seperti analisis polimorfisme panjang fragmen restriksi (PCR-RFLP) dan analisis PCR dengan tandem pendek (*short tandem repeat*, STR), yang digunakan dalam analisis DNA mitokondria.

Pemilihan metode yang paling sesuai untuk identifikasi satwa bergantung pada tujuan penelitian. Jika tujuan adalah untuk mengidentifikasi spesies satwa, metode sekuensing DNA Mitokondria adalah yang paling cocok. Namun, jika tujuannya adalah mengidentifikasi individu satwa, maka metode DNA *fingerprinting* akan lebih tepat.

Hadirin yang saya hormati

Identifikasi beberapa satwa dan kekerabatannya berdasar analisis sekuen DNA mitokondria

Tarsius

Indonesia memiliki kekayaan ragam jenis primata di dunia, termasuk 40 dari 195 jenis primata yang ada di dunia, dan 24 di antaranya endemik di Indonesia. Salah satunya adalah *Tarsius* sp. dari genus *Tarsius*, famili Tarsiidae (Supriyatna & Wahyono, 2000). Tarsius adalah primata kecil yang dikenal dengan matanya yang besar. Tarsius hidup di beberapa pulau di Indonesia, seperti Sumatra, Kalimantan, Sulawesi, dan pulau-pulau sekitarnya, dan mereka ada di berbagai habitat, termasuk hutan hujan tropis, pegunungan, dan daerah pantai.

Namun, Tarsius rentan terhadap perubahan habitat dan aktivitas manusia, sehingga penting untuk melindungi dan melestarikan habitat mereka. Selain itu, mereka juga menghadapi ancaman dari perdagangan ilegal dan pemeliharaan ilegal sebagai hewan peliharaan, yang harus diatasi melalui upaya konservasi yang tepat. Dengan demikian, perlindungan Tarsius dan habitatnya sangat penting untuk menjaga kelangsungan hidup spesies ini di Indonesia.

Identifikasi Tarsius secara molekuler yang telah dilakukan penulis dengan metode sekuensing DNA mitokondria antara lain menggunakan gen ***Cytochrome B*** (Widayanti dkk, 2004), ***D-Loop*** (Widayanti dan Solihin, 2007; Widayanti, 2008), gen ***Cytochrome Oxidase Subunit 2*** (COX2) (Widayanti dkk, 2010), gen ***ATP synthase FO subunit 8*** (ATP8) (Widayanti, 2010), gen ***NADH Dehidrogenase Sub-Unit 3*** (ND3) (Widayanti dkk, 2011), gen ***NADH Dehidrogenase Sub-Unit 4L*** (ND4L) (Widayanti dan Susmiati, 2012), gen ***ATP synthase FO***

subunit 6 (ATP6) (Widayanti dkk, 2012), gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COX1) (Baaka dan Widayanti, 2013), gen *NADH Dehidrogenase Sub-Unit 6* (ND6) (Widayanti dkk., 2013), dan gen *NADH Dehydrogenase Subunit 4* (ND4) (herri alfian dkk, 2014). Dalam penelitian ini, pengambilan sampel *Tarsius* dilakukan dari beberapa wilayah yakni Sulawesi utara, Sulawesi Tengah, Lampung (Sumatra), dan Kalimantan. Hasil analisis fragmen DNA mitokondria menunjukkan sekuen nukleotida gen ATP8, gen ND4, dan gen Cyt B, yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi *Tarsius* asal Sulawesi Utara (*Tarsius spectrum*), Sulawesi Tengah (*Tarsius diana*), Lampung (*Tarsius bancanus*), dan Kalimantan (*Tarsius bancanus borneoensis*).

Kuskus

Kuskus merupakan satwa australis, mammalia berkantung (marsupial), masuk dalam famili Phalangeridae, yang persebarannya terbatas di Indonesia bagian timur (Sulawesi, Maluku, Papua, dan Pulau Timor), Australia dan Papua New Guinea (Helgen dan Flannery, 2004). Famili Phalangeridae mempunyai 5 genus yaitu *Trichosurus*, *Ailurops*, *Phalanger*, *Spilocuscus* dan *Strigocuscus* dan setidaknya ada 24 spesies yang tersebar dari Australia Utara, Papua New Guinea ke Timur Indonesia (Kinman and Koepl, 1982). Dari 5 genus tersebut, 4 genus terdapat di Indonesia yakni *Ailurops*, *Phalanger*, *Spilocuscus* dan *Strigocuscus*. Di Papua, ditemukan 2 genus yaitu *Phalanger* (kuskus tidak bertotol) dan *Spilocuscus* (kuskus bertotol); di Maluku dan Pulau Timor ditemukan 2 genus yaitu *Phalanger* dan *Spilocuscus*; dan di Sulawesi ditemukan genus *Strigocuscus* dan *Ailurops*, yang merupakan satwa endemik Sulawesi (Kennedy, 1993).

Selama ini, penelitian ilmiah telah dilakukan pada spesies

endemik ini dengan mengamati berbagai gen, seperti **12S rRNA** (Widayanti dkk., 2015), *NADH Dehydrogenase Subunit 1 (ND1)* (Widayanti, 2016), *Cytochrome B (Cyt B)* (Kunda et al., 2016), *Cytochrome C Oxidase subunit 3 (COX3)* (Kunda et al., 2017), *Cytochrome c Oxidase subunit 1 (COI)* (Kunda et al., 2016), dan **16S rRNA** (Widayanti et al., 2020).

Analisis genetik menunjukkan bahwa *Phalanger* dari Maluku memiliki perbedaan genetik dengan *Phalanger* dari Papua. Hal yang serupa terjadi pada kuskus totol (*Spilocuscus*) dari Papua dan Maluku, di mana karakter genetiknya berbeda.

Lebih menariknya lagi, meskipun kuskus warna cokelat dan kuskus warna putih asal Maluku secara penampilan berbeda, penelitian molekuler menunjukkan bahwa keduanya sebenarnya merupakan spesies yang sama, yaitu *Phalanger orientalis*.

Pada fase sebelum kematangan seksual, *P. orientalis* jantan memiliki karakter fenotip yang sama dengan *P. orientalis* betina, yaitu rambut berwarna cokelat dengan garis hitam dari kepala sampai pangkal ekor. Namun, saat mencapai fase kematangan seksual, *P. orientalis* jantan mengalami perubahan warna yang didominasi oleh warna putih, sementara *P. orientalis* betina tetap berwarna cokelat. Biasanya, perubahan warna rambut hanya terjadi pada kuskus jantan. Mekanisme ini terkait erat dengan peristiwa dimorfisme seksual, seperti yang diamati oleh Kunda (2016). Fenomena serupa juga terjadi pada *S. maculatus*, dimana individu jantan mengalami perubahan warna rambut menjadi hitam/kuning kecoklatan dengan campuran putih (totol), sementara *S. maculatus* betina tetap berwarna kelabu.

Hasil analisis filogenetik berdasarkan gen-gen tersebut di atas menunjukkan bahwa sampel kuskus dari pulau Halmahera

memiliki keragaman genetik yang rendah jika dibandingkan dengan sampel dari pulau Sentani, Jayapura. Mereka juga tergabung dalam satu subklade yang sama. Penelitian genetik menunjukkan bahwa kuskus *P. orientalis* dan *S. maculatus* dari Halmahera sebenarnya merupakan mamalia yang diperkenalkan dari Timur ke Timor. Temuan ini mendukung gagasan bahwa migrasi manusia yang panjang dan perdagangan di wilayah Maluku hingga Maluku Utara telah mengakibatkan introduksi spesies tertentu, seperti kuskus, yang awalnya mungkin dibawa sebagai hewan peliharaan dan sumber makanan.

Pohon filogenetik berdasarkan DNA mitokondria menunjukkan bahwa Kuskus dari Maluku dan Papua terbagi menjadi dua kelompok. Kelompok A1 adalah kuskus asal Papua (genus *Phalanger*), kelompok A2 adalah kuskus Maluku dalam genus *Phalanger*. Kelompok B1 adalah kuskus asal Papua (genus *Spilocuscus*), B3 adalah kuskus dari Maluku dalam genus *Spilocuscus*, dan B2 adalah kuskus (genus *Spilocuscus*), khusus dari Pulau Sentani (Papua) dan Pulau Ternate (Maluku).

***Catfish* asli Indonesia**

Wilayah laut Indonesia, yang mencakup 77% dari luas total negara ini, memiliki potensi besar dalam hal sumber daya pangan, terutama ikan. Samdani *et al.* (2021) mencatat bahwa dari 7000 spesies ikan di dunia, sekitar 2000 jenisnya dapat ditemukan di perairan Indonesia, terutama di perairan air tawar. Ini menjadikan ikan sebagai komponen penting dengan kontribusi sebanyak 48,1% dari hewan vertebrata di Indonesia, menjadikannya negara kedua terbesar setelah Brasil dalam populasi ikan air tawar (Saputra *et al.*, 2018).

Salah satu contoh penting adalah ikan baung (*Hemibagrus nemurus*) yang kaya akan nutrisi seperti protein, lipid (termasuk omega-3, omega-6, asam lemak tak jenuh tunggal, asam dokosaheksaenoat/DHA, dan asam eikosapentaenoat), mineral, albumin, dan antioksidan (Robert 1989; Mesomya *et al.*, 2002; Widayanti *et al.*, 2019). Namun, keberadaan ikan asli Indonesia saat ini semakin langka karena persaingan dengan “*jenis asing invasive (JAI)*” atau “*spesies invasive*” yang tumbuh dan berkembang dengan cepat, menyebar luas, memiliki toleransi yang tinggi terhadap lingkungan, dan mampu bertahan dengan berbagai jenis makanan. Hal ini mengganggu rantai makanan dan menyebabkan kerugian ekonomi yang signifikan.

Pengertian jenis asing invasif" atau "spesies invasif menurut *International Union for Conservation of Nature (IUCN)*:

Spesies invasif adalah spesies, baik spesies asli maupun tidak asli. Organisme ini memiliki potensi untuk merusak lingkungan baru karena kurangnya kontrol alami dan dapat dengan cepat menyebar dan mengalahkan spesies asli yang ada di lingkungan tersebut. Kondisi ini dapat menyebabkan gangguan serius bagi keanekaragaman hayati setempat, mengancam spesies asli, mengganggu rantai makanan, dan menyebabkan kerugian ekonomi. Spesies asing tidak selalu invasif, spesies invasif belum tentu berasal dari luar/asing. Spesies invasif meliputi tanaman, hewan, atau mikroorganisme yang diperkenalkan di luar wilayah aslinya ke suatu wilayah baru, baik sengaja maupun tidak sengaja.

Contoh beberapa Ikan asing invasif berbahaya antara lain ikan mas (*Cyprinus carpio*), ikan mujair (*Oreochromis*

mossambicus), ikan nila (*O. niloticus*), ikan gabus (*Chana micropeltse*), dan ikan sapu-sapu (*Pterygolithys pardalis*). Hilangnya keanekaragaman ikan di sungai berdasar studi Wowor *et al.* (2010) di sungai Ciliwung dan Cisadane, Jawa Barat termasuk Sungai-sungai di sekitarnya terindikasi adanya penurunan ikan asli secara drastis antara tahun 1890-2010 masing-masing sebesar 92,5% dan 75,6% serta crustacea mencapai 66,7%, serta tidak tertutup kemungkinan terjadi penurunan di sungai-sungai lainnya.

Widayanti dkk. juga telah melakukan identifikasi molekuler ikan berkumis (*Catfish*) yang diambil dari beberapa sungai di Indonesia. Pada penelitian tersebut menggunakan gen Sitokrom oksidase II (**COII**) (Budiariati *et al.*, 2021), gen **12S rRNA** (Widayanti *et al.*, 2021), gen **COIII** (Widayanti *et al.*, 2019), gen **Sitokrom B** (Megarani *et al.*, 2020), gen **ND1** (Widayanti dkk, 2022), dan gen **ND6** (Widayanti *et al.*, 2022). Dari hasil penelitian tersebut ditemukan empat kelompok yaitu:

1. Ikan berkumis dari Sungai Mahakam, Sungai Martapura, Sungai Kapuas, Sungai Kampar, Sungai Musi, dan Sungai Progo termasuk dalam spesies *Hemibagrus nemurus*.
2. Ikan berkumis dari Sungai Elo termasuk dalam kelompok genus *Mystus*.
3. Ikan berkumis dari Sungai Bomberay termasuk dalam kelompok genus *Arius*.
4. Ikan berkumis dari Sungai Bengawan Solo termasuk dalam kelompok genus *Pangasius*.

Hasil penelitian ini juga menunjukkan bahwa ikan berkumis dari Sungai Elo, Sungai Bengawan Solo, dan Sungai Bomberay kemungkinan merupakan spesies yang berbeda dengan data yang ada di *Genbank*. Hal ini dikarenakan terdapat perbedaan genetik yang signifikan, yaitu sekitar **8,9% - 21%**

untuk *Pangasius*, 9% - 21% untuk *Mystus*, 8,9% - 19% untuk *Arius*. Sedangkan untuk *Hemibagrus*, perbedaan genetiknya $\geq 3\%$, sehingga dapat diidentifikasi sebagai *Hemibagrus nemurus*.

Selain ikan air tawar, Widayanti dkk. (2022) juga melakukan penelitian menggunakan ikan tenggiri (*Scomberomorus*) dari beberapa lokasi TPI diantaranya di Ambon, Papua, Banjarmasin, Palembang, Rembang, dan Cilacap. Berdasar sekuen nukleotida gen Cytochrome B dari penelitian tersebut ditemukan tiga spesies *Scomberomorus*, yaitu *S.commerson*, *S. semifasciatus*, dan *S. koreanus*.

Hadirin yang saya hormati

Penutup

Dari uraian yang telah saya sampaikan, ijin saya menyimpulkan bahwa identifikasi satwa secara molekuler berdasar sekuen gen-gen DNA mitokondria memiliki berbagai keuntungan yang sangat berarti untuk tujuan konservasi dan pengelolaan sumber daya alam. Hal ini dikarenakan kemampuannya mengidentifikasi spesies dengan tingkat akurasi tinggi, membantu dalam penemuan spesies baru, mengungkap perdagangan produk pangan hewan ilegal, serta mengukur tingkat keanekaragaman genetik dalam populasi satwa liar. Metode ini juga mendukung pelacakan pergerakan populasi, memungkinkan penyusunan kebijakan konservasi berdasarkan bukti yang kuat, serta fokus pada perlindungan habitat dan penegakan hukum terhadap perdagangan ilegal. Secara keseluruhan, identifikasi satwa dengan metode molekuler merupakan alat penting dalam upaya melindungi

keanekaragaman hayati dan mengelola populasi satwa liar secara berkelanjutan.

Saudara-saudara yang saya hormati,

Perkenankanlah terlebih dahulu saya mengucapkan syukur alhamdulillah ke hadirat Allah SWT atas berkah dan rahmat-Nya yang melimpah pada kita semua. Selanjutnya, izinkan saya untuk mengucapkan terima kasih kepada Bapak Menteri Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi, Republik Indonesia atas keputusan untuk mengangkat saya sebagai Guru Besar dalam bidang Biokimia di FKH-UGM. Terima kasih kepada Rektor dan Wakil Rektor; Ketua, Sekretaris, dan anggota senat Akademik; Ketua, Sekretaris dan anggota Senat FKH-UGM; Dekan dan pengurus fakultas yang telah menyetujui pengusulan kenaikan jabatan saya ini. Terima kasih juga saya sampaikan kepada Tim PAK Fakultas Kedokteran Hewan yang telah bekerja keras dalam proses kenaikan jabatan ini. Saya juga ingin mengucapkan terima kasih kepada kolega, teman-teman, keluarga, dan semua pihak yang telah mendukung saya dalam perjalanan panjang menuju pengukuhan ini.

Terima kasih yang tulus saya haturkan kepada guru-guru saya di SD Negeri Cacaban III, Magelang; SMP Negeri I Magelang; dan SMA Negeri I Magelang. Terima kasih juga saya haturkan kepada guru-guru saya Program Studi Kedokteran Hewan, FKH UGM; Program Studi Magister Sain Veteriner, FKH UGM; dan Program Studi Doktor Primatologi, IPB, Bogor. Juga terima kasih kepada teman-teman dari SD, SMP, SMA, teman-teman S-1, S-2, dan S-3 yang telah bersama-sama berjuang, belajar untuk menempuh cita-cita yang mulia. Terima kasih atas kebersamaannya Prof.Dr.drh. Pudji Astuti, MP,

Dr.drh. Trini Susmiati, MP, dan Dr.drh. Tri Wahyu Pangestiningih, MP dalam suka dan duka kita lalui bersama saat menempuh Pendidikan S-3.

Ucapan terima kasih untuk teman-teman alumni FKH 81 atas kebersamaannya selama menempuh kuliah hingga saat ini, dan ucapan terima kasih juga kami ucapkan kepada “Wadek Pensiun Yahud” (Wakil Dekan III periode tahun 2016-2021) atas kebersamaan dan kekompakannya.

Ucapan terima kasih yang tak terhingga saya haturkan kepada drh. Djoko Pranowo, M.Sc sebagai pembimbing skripsi dan terima kasih telah menerima dan mempercayai saya untuk bergabung di Departemen Biokimia hingga saat ini; Prof.Dr.drh. Wayan Tunas Artama dan Prof.drh. Widya Asmara, SU, Ph.D. sebagai pembimbing S-2 saya, dan tak lupa ucapan terima kasih saya haturkan kepada Prof.Dr.drh. Sri Hartati, SU yang telah mengikutkan saya di dalam proyek penelitiannya sehingga semua biaya penelitian ditanggung dari dana proyek beliau. Terima kasih saya haturkan juga kepada Dr.Ir. Dedy Duryadi Solihin DEA, Prof.Dr.Ir. Raden Roro Dyah Perwitasari M.Sc., dan Prof. drh. Dondin Sajuthi, M.ST, Ph.D. (alm) sebagai pembimbing S-3 saya.

Terima kasih juga untuk kolega saya yang telah bekerja bersama-sama untuk mengembangkan dan memajukan Lab. Biokimia FKH UGM: drh. Djoko Pranowo, M.Sc., Prof.Dr. wayan Tunas Artama, Dr.drh. Trini Susmiati, MP., Dr.drh. Aris Purwantoro, M.Si, Prof.Dr.drh. Aris Haryanto, M.Si; Dr.drh. Medania Purwaningrum, M.Sc. Terima kasih juga saya ucapkan kepada Mbak Eli Supriyani, Pak Wendro Nurhadi, Pak Supangat yang selalu siap membantu dalam segala hal. Semoga Allah SWT membalas kebaikannya.

Terima kasih saya untuk kolega dan mahasiswa yang banyak membantu dalam penelitian dan penulisan karya ilmiah,

serta Dr.Rony Marsyal Kunda dan Dr. Suhendra pakpahan yang berkontribusi besar terhadap capaian jabatan Guru Besar saya ini dan tak lupa juga Dr. Alek Ibrahim, S.Pt., drh. Herjuno Ari Nugroho, M.Sc., Slamet Hartanto, S.Pt., M.Sc. atas kerjasamanya dalam penelitian dan penulisan karya ilmiah.

Terima kasih kepada seluruh panitia Pengukuhan Jabatan Guru Besar atas bantuan dan dukungannya sehingga acara pengukuhan ini dapat berjalan lancar dan kepada Dr. Rony Marsyal Kunda, M.Sc. atas bantuan penulisan dan koreksinya sehingga materi bisa terwujud dengan baik, serta ucapan terima kasih juga kepada Prof.Dr.drh. Pudji Astuti, MP dan Prof.Dr.drh. Siti Isrina Oktavia Salasia, atas review naskah pidato ini.

Hari ini, penghargaan ini bukan hanya milik saya, melainkan juga milik orang tua kami yang telah menjadi pilar penting dalam pencapaian kami. Semua prestasi yang saya raih adalah hasil dari fondasi yang mereka bantu bangun sejak awal. Dengan rendah hati, saya ingin menyatakan bahwa ucapan terima kasih ini takkan pernah cukup untuk menggambarkan rasa terima kasih yang mendalam kepada kedua orang tua saya Ibu Hidajati (almh.) dan Bapak Djuwari (alm.) yang dengan penuh kasih sayang dan ketulusan telah mendoakan, membesarkan dan mendidik saya. Rasa hormat dan ucapan terima kasih saya juga kepada Ibu Mudjinah (almh.) dan Bapak Kabul Oemar Hardjo Prawito (alm). Tak lupa juga ucapan terima kasih kepada mas Budi, Mbak Esti, adik (Yanti dan Tito) yang selalu direpotkan waktu saya menempuh kuliah S3. Serta ucapan terima kasih atas dukungan dan doa dari kakak ipar (Pakde Moerjoto, Pakde Mas Hari Soebagiono (alm.), Bude Yayuk, Pakde Hanto, Bude Tien), dan adik ipar (Om Cip).

Terakhir, saya ucapkan terima kasih yang tak terhingga kepada suami saya Prapto Subagyo yang telah menjadi sahabat, teman hidup, juga cinta dan dukungannya, serta anak-anak

tercinta Atma Galih Dharmawan, Widasari Yunida Putri, Atika Anif Prameswari terima kasih atas kehadiran, keceriaan, dan kebanggaan yang kalian bawa dalam hidup saya, juga kepada menantu tercinta Lyla Eli Kusumawati dan Muhammad Rizki Nur Iman, serta cucu-cucu tersayang Annasya Gauri Aliendra dan Annandya Kenes Parahita terima kasih atas senyuman dan celotehannya yang selalu mengisi hari-hari kami dengan kebahagiaan.

Terakhir, izinkan saya sekali lagi mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah hadir di sini hari ini, yang telah memberikan dukungan, semangat, dan cinta kepada saya. Semoga Allah SWT senantiasa memberkahi kita semua dalam setiap langkah perjalanan kita.

Terima kasih.

Wassalamu'alaikum warahmatullahi wabarakatuh.

DAFTAR PUSTAKA

- Akbar J. 2014. Potensi dan Tantangan Budi Daya Ikan Rawa (Ikan Hitam dan Ikan Putih) di Kalimantan Selatan. Vol. 34. Unlam Press, Banjarmasin. p90-92.
- Baaka A dan **Widayanti R.** 2013. Kajian Deoxyribonucleic acid (DNA) Barcode pada spesies *Tarsius bancanus*, *T. spectrum* dan *T. diana* Menggunakan gen Cytochrome oxidase subunit 1 (COX1). *Jurnal Kedokteran Hewan*, 7 (2): 132-136.
- Budiariati V, Susmiati T, Waroh S, Putri RCA, **Widayanti R.** 2021. Genetic diversity of indigenous catfish from

- Indonesia based on mitochondrial Cytochrome Oxidase Subunit II gene. *Biodiversitas* 22: 593-600.
- Herrialfian H, **Widayanti R**, Wijayanto H, dan Jalaluddin J. 2014. Kajian Diversiti Genetika Tarsius sp. Asal Indonesia Menurut Urutan Gen NADH Dehidrogenase Subunit 4 (ND4). *Jurnal Kedokteran Hewan*, 8 (1): 6-11.
- Kunda RM, Handayani NSN, Wijayanto H, and **Widayanti R**. 2016. Study of Genetic Marker of Cuscuses (Marsupialia: Phalangeridae) from Maluku and Papua Based on Cytochrome b Gene Sequences. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 19 (3): 122-135.
- Megarani DV, Nugroho HA, Andarini ZP, Surbakti YDRBR, and **Widayanti R**. 2020. Genetic characterization and phylogenetic study of Indonesian indigenous catfish based on mitochondrial cytochrome B gene. *Veterinary World*, 13(1): 96–103.
- Mesomya W, Cuptapun Y, Jittanoonta P, Hengsawadi D, Boonsivut S, Huttayanon P, Sriwatana W. 2002. Nutritional evaluations of green catfish, *Mystus nemurus*. *Kasetsart J. Nat. Sci.*;36(1):69–74.
- Robert TR. 1989. *The Freshwater Fishes of Western Borneo (Kalimantan Barat Indonesia)* Academy of Science, California.:210.
- Saputra O, Anwari MS, Herawatiningsih R. 2018. Keanekaragaman Jenis Ikan Air Tawar di Sungai Dong Sandar dan Sungai Rempangi di Kecamatan Sungai Laur Kabupaten Ketapang. *Jurnal Hutan Lestari*, 7 (1): 21-31.
- Samdani M, Restu IW, Ekawaty R. 2021. Inventarisasi Ikan Ekonomis Penting pada Musim Barat di PPI Kedonganan, Bali. *J. Mar. Aquat. Sci.* 7: 10-17.

- Widayanti R**, Solihin DD, Sajuthi D, Perwitasari RRD. 2006. Kajian Penanda Genetik Gen Cytochrome B Pada *Tarsius* sp. =Study of Genetic Marker on Cytochrome B Gene of *Tarsius* sp.. *Jurnal Sain Veteriner*, 24 (1): 1-7.
- Widayanti R**, Solihin DD. 2007. Kajian Penanda Genetik *Tarsius bancanus* dan *Tarsius spectrum* dengan Sekuen D-Loop Parsial DNA Mitokondria. *Biota*, 12 (3): 170-176.
- Widayanti R**. 2008. Kajian molekuler daerah D-Loop parsial pada DNA mitokondria *Tarsius bancanus*. *Media Kedokteran Hewan*, 24 (2): 86-91.
- Widayanti R**. 2010. Kajian Molekuler Gen ATP8 pada DNA Mitokondria *Tarsius* sp. *Media Kedokteran Hewan*, 26 (3): 174-182.
- Widayanti R**, Handayani NSN, Budiarsa IM. 2010. Kajian Molekuler *Tarsius* sp. Pada gen penyandi Cytochrome Oxidase sub-unit 2 (COX2) mitokondria. *Biota*, 15 (1): 98-106.
- Widayanti R**, Handayani NSN, Budiarsa IM. 2011. Keragaman Genetik Gen Penyandi Dehydrogenase Sub-unit 3 Mitokondria pada Monyet Hantu (*Tarsius* sp.). *Jurnal Veteriner*, 12(1): 26-33.
- Widayanti R**, Handayani NSN, Wijayanto H. 2012. Keragaman genetik sekuen gen ATP synthase FO sub-unit 6 (ATP6) monyet hantu (*Tarsius*) Indonesia. *Jurnal Veteriner*, 13 (4): 358-370.
- Widayanti R** dan Susmiati T. 2012. Studi keragaman genetik *Tarsius* sp. asal Kalimantan, Sumatera dan Sulawesi berdasarkan sekuen gen NADH dehydrogenase sub unit 4L (ND4L). *Jurnal Kedokteran Hewan*, 6 (2): 105-111.

- Widayanti R**, Susmiati T, Artama WT. 2013. Keragaman Genetik Gen NADH Dehydrogenase Subunit 6 (ND6) Pada Monyet Hantu (*Tarsius sp.*). *Jurnal Veteriner*, 14 (2): 239-249.
- Widayanti R**, Wijayanto H, Wendo WD, Kunda RM. 2015. Identifikasi keragaman genetik gen 12S ribosom RNA sebagai penanda genetik untuk penentuan spesies kuskus. *Jurnal Veteriner*, 12 (5): 227-235.
- Widayanti R**, Agustianti, Suprayoga T, Kunda RM, Pakpahan S. 2016. Phylogenetic Relationship of Cuscuses (*Marsupialia: Phalangeridae*) from Papua and Maluku Based on Mitochondrial Sequences of NADH Dehydrogenase Sub-unit 1 Gene. *Biotechnology*, 15: 17-25.
- Widayanti R**, Haryanto A, Artama WT, and Pakpahan S. 2019. Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit III gene. *Veterinary World*, 12(6): 896-900.
- Widayanti R**, Pradana RAB, Kunda RM, and Pakpahan S. 2020. Genetic characterization and phylogenetic study of Indonesian cuscuses from Maluku and Papua Island based on 16S rRNA gene. *Vet World*; 13(11): 2319–2325.
- Widayanti R**, Nugroho HA, Megarani DV, Widiasih DA, Pakpahan S. 2021. Revealing Spanish mackerel's diversity in Indonesia through local commodities in the fish market. *Biodiversitas* 23:624-630.
- Widayanti R**, Kusumaastuti KA, Novi JM, Adani FK, Gultom CRP, Prastiti AD, Nugroho HA, and Pakpahan S. 2021. Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish (baung fish) based on

mitochondrial 12S rRNA gene. *Veterinary World*, 14(3): 751–757.

Wilson-Wilde L, Norman J, Robertson J, Sarre S, Georges A. 2010. Current issues in species identification for forensic science and the validity of using the cytochrome oxidase I (COI) gene. *Forensic Sci Med Pathol*. 6:233–241.

BIODATA

Nama Lengkap : Prof.Dr.drh. Rini Widayanti, MP.
Tempat, Tgl Lahir : Magelang, 25 Januari 1963
NIP : 196301251989032000
NIDN : 0025016303
Pangkat/Gol : Pembina/IVb
Jabatan : Guru Besar
Alamat kantor : Departemen Biokimia, FKH-UGM,
Jl. Fauna No. 2, Karangmalang,
Yogyakarta 55281
Suami : Drh. Prpto Subagyo
Anak ke-1 : Atma Galih Dharmawan, ST., M.Eng
Menantu : Lyla Eli Kusumawati, SIP.
Anak ke-2 : Widasari Yunida Putri, ST., M.Sc.
Menantu : Muh. Rizki Nur Iman, ST., M.Sc.
Anak ke-3 : Atika Anif Prameswari, S.Gz,
M.P.H., R.D
Alamat Rumah : Jl. Arjuna, No.12, Tegal, RT 2/RW
14, Sidoarum, Godean, Sleman, DIY
No. Telp : 0274-798893
email : rini_widayanti@ugm.ac.id
Nomor HP : 085878931444

Riwayat Pendidikan (Tahun lulus)

1. SD : SDN Cacaban III, Magelang, Jateng (1974)
2. SMP : SMPN I Magelang, Jawa Tengah (1977)
3. SMA : SMAN I Magelang, Jawa Tengah (1981)
4. Sarjana : FKH UGM (1986)
5. Profesi : FKH UGM (1987)
6. S2 : Sain Veteriner, FKH-UGM, 1999

7. S3 : Primatologi, IPB, Bogor, 2006
Riwayat Pekerjaan
1989- sekarang : Dosen Departemen Biokimia
2011-2015 : Ketua Departemen Biokimia, FKH UGM
2016- 2021 : Wakil Dekan Bidang Penelitian, Pengabdian
kepada Masyarakat, dan Kerjasama

Publikasi (5 Tahun Terakhir)

- 2023 **Widayanti R**, Nugroho HA, Megarani DV, Widiasih DA, Pakpahan S. 2023. Multiplex PCR detection of mackerel-based food adulteration with pleco and chicken in selected areas around Ciliwung River, Indonesia. *Biodiversitas* 24: 1538-1543.
- 2023 Alek Ibrahim, Endang Baliarti, I Gede Suparta Budisatria, Wayan Tunas Artama, **Rini Widayanti**, Dyah Maharani, Luis Tavares & Endang Tri Margawati. 2023. Genetic diversity and relationship among Indonesian local sheep breeds on Java Island based on mitochondrial cytochrome b gene sequences. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 21:34
- 2023 Slamet Hartanto, Agung Budiyanto, **Rini Widayanti**, Erif Maha Nugraha Setyawan, and Imawan Daru Prasetya. 2023. Characterization of polymorphisms in the follicle-stimulating hormone receptor and insulin-like growth factor-1 genes and their association with fertility traits in Jawa-Brebes cows. *Veterinary World*, 16(4): 711–716.
- 2023 Suhendra Pakpahan, **Rini Widayanti**, Wayan Tunas Artama, I.Gede Suparta Budisatria, Herman W. Raadsma, Endang Tri Margawati. 2023. Genetic diversity analysis of Indonesian indigenous goat breeds based on microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, Volume 225, August 2023, 107011

- 2023 Suhendra Pakpahan, **Rini Widayanti**, Wayan Tunas Artama, I. Gede Suparta Budisatria & Gesine Lühken. 2023. Genetic variability of the prion protein gene in Indonesian goat breeds. *Tropical Animal Health and Production* volume 55, Article number: 87
- 2023 Reinhard Marchiano Ciu, Arvendi Rachma Jadi, Dwi Liliek Kusindarta, **Rini Widayanti**, and Hery Wijayanto. 2022. Daily Activities of Proboscis Monkey (*Nasalis larvatus*) in Curiak Island, Banjarmasin, South Kalimantan. *IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci.* 1174
- 2023 Alek Ibrahim, Endang Baliarti, I Gede Suparta Budisatria, Wayan Tunas Artama, **Rini Widayanti**, Dyah Maharani, Luis Tavares & Endang Tri Margawati. 2023. Genetic diversity and relationship among Indonesian local sheep breeds on Java Island based on mitochondrial cytochrome b gene sequences. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* volume 21, Article number: 34
- 2022 **Rini Widayanti**, Alek Ibrahim, Muhammad Hesham Maulana, Kornawan Eko Sakti, Danastri Hanida Nur Arifah, Suhendra Pakpahan. 2022. The Analysis of Genetic Variation in the Mitochondrial ND6 Gene and its Application for the Identification of Indonesian Catfish Species. *Indian Journal of Animal Research*.
- 2022 Ibrahim, A., Budisatria, I. G. S., Artama, W. T., **Widayanti, R.**, & Atmoko, B. A. 2022. Sacrificers' Preferences on Selection and Procurement of Sacrificial Animals for Eid al-Adha Celebration. *Animal Production*, 24(1), 37-44.
- 2022 Suhendra Pakpahan, **Rini Widayanti**, and Wayan T. Artama. 2022. Selection signatures and formation of the Samosir goat breed through the cultures of the Batak Toba

Tribe in Samosir Island, Indonesia. *Vet World*. 2022 Apr; 15(4): 1044–1050.

- 2021 **Rini Widayanti**, Ken Ayik Kusumaastuti, Joana Martha Novi, Fadila Khairuna Adani, Catrine Relia Patrecia Gultom, Ayuning Devina Prastiti, Herjuno Ari Nugroho, and Suhendra Pakpahan. 2021. Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish (baung fish) based on mitochondrial 12S rRNA gene. *Veterinary World*, 14(3): 751–757.
- 2021 **Widayanti R**, Nugroho HA, Megarani DV, Widiasih DA, Pakpahan S. 2021. Revealing Spanish mackerel's diversity in Indonesian through local commodities in the fish market. *Biodiversitas* 23: 624-630.
- 2021 Budiariati V, Susmiati T, Waroh S, Putri RCA, **Widayanti R**. 2021. Genetic diversity of indigenous catfish from Indonesia based on mitochondrial Cytochrome Oxidase Subunit II gene. *Biodiversitas* 22: 593-600.
- 2021 Ibrahim A, Artama WT, Budisatria IGS, Yuniawan R, Atmoko BA, **Widayanti R**. 2021. Regression model analysis for prediction of body weight from body measurements in female Batur sheep of Banjarnegara District, Indonesia. *Biodiversitas* 22: 2723-2730.
- 2021 Herjuno Ari Nugroho, **Rini Widayanti**, Tri Wahyu Pangestiningih and Eli Supriyani. 2021. The Development and Optimization of Primer Sets Used to Study the Relative Expression of Androgen Receptor Gene in Turkey (*Meleagris gallopavo*). *BIO Web of Conferences* 33, 02003.
- 2021 Wijayanto H, Wibowo DS, **Widayanti R**, Pangestiningih TW, Wendo WD, Asvan M, Gunawan AS, Wirabrata M. 2021. Short Communication: The correlation between foot

- circumference with the body length, shoulder height, and pelvic width in Sumatran elephants (*Elephas maximus sumatranus*). *Biodiversitas*. 22: 2635-2640.
- 2020 **Rini Widayanti**, Richo Apriladi Bagas Pradana, Rony Marsyal Kunda, and Suhendra Pakpahan. 2020. Genetic characterization and phylogenetic study of Indonesian cuscuses from Maluku and Papua Island based on 16S rRNA gene. *Vet World*. 2020 Nov; 13(11): 2319–2325.
- 2020 Vika Ichsaniana Ninditya, Endah Purwati, Ajeng Tyas Utami, Aprillyani Sofa Marwaningtyaz, Nadia Khairunnisa Fairuz, **Rini Widayanti**, and Penny Humaidah Hamid. 2020. *Artemisia vulgaris* efficacies against various stages of *Aedes aegypti*. *Veterinary World*, 13(7): 1423–1429.
- 2020 Megarani, D.V., Nugroho, H.A., Andarini, Z.P., Surbakti, Y.D.R.B.R., and **Widayanti, R.W.** 2020. Genetic characterization and phylogenetic study of Indonesian indigenous catfish based on mitochondrial cytochrome B gene. *Veterinary World*, 13(1): 96–103.
- 2020 Alek Ibrahim, I Gede Suparta Budisatria, **Rini Widayanti**, and Wayan Tunas Artama. 2020. The genetic profiles and maternal origin of local sheep breeds on Java Island (Indonesia) based on complete mitochondrial DNA D-loop sequences. *Veterinary World*, 13(12): 2625–2634.
- 2019 Mohammad Mirza Nuryady, **Rini Widayanti**, Raden Wisnu Nurcahyo, Brilyantika Fadjrinatha, and Ahmad Fahrurrozi Z. S. 2019. Characterization and phylogenetic analysis of multidrug-resistant protein-encoding genes in *Trypanosoma evansi* isolated from buffaloes in Ngawi district, Indonesia. *Veterinary World*, 12(10): 1573–1577.

- 2019 **Widayanti, R.**, Haryanto, A., Artama, W.T., and Pakpahan, S. 2019. Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit III gene. *Veterinary World*, 12(6): 896-900.
- 2019 Nuryady, M.M., **Widayanti, R.**, Nurcahyo, R.W., Fadjrinaltha, B., and Fahrurrozi, A. Z. S. 2019. Characterization and phylogenetic analysis of multidrug-resistant protein-encoding genes in *Trypanosoma evansi* isolated from buffaloes in Ngawi district, Indonesia. *Veterinary World*, 12(10): 1573-1577.
- 2019 Ibrahim, A., Budisatria, I.G.S., **Widayanti, R.** and Artama, W.T. 2019. The impact of religious festival on roadside livestock traders in urban and peri-urban areas of Yogyakarta, Indonesia. *Veterinary World*, 12(9): 1408-1415.

Buku

Biologi Kuskus. 2022. (Rini Widayanti dan Rony Marsyal Kunda)

HKI

1. Paten Sederhana "Primer untuk Amplifikasi Gen NADH Dehidrogenasi Subunit VI Mitokondria Pada Ikan Berkumis. No. IDS000005868. Tanggal 18 April 2023
2. Paten Sederhana "Primer untuk Amplifikasi Gen 12S Ribosomal RNA Mitokondria Pada Ikan Berkumis (Siluriformes). No. IDS000006192. Tanggal 4 Juli 2023