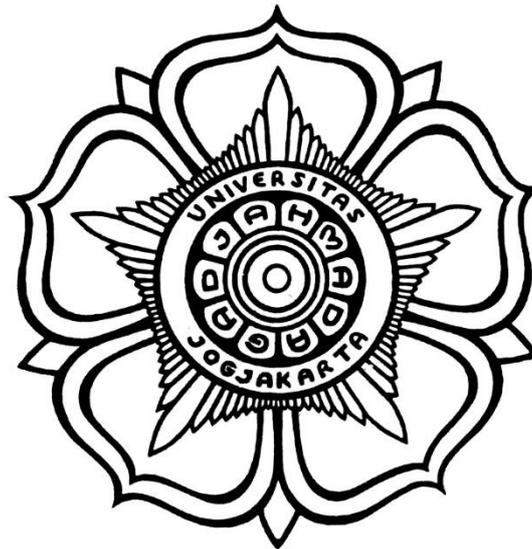


**PERAN GENETIKA POPULASI DALAM
PERLINDUNGAN DAN PEMANFAATAN SUMBER DAYA
HAYATI YANG BERKELANJUTAN DI INDONESIA
UNTUK MENDUKUNG KESEJAHTERAAN MANUSIA**



UNIVERSITAS GADJAH MADA

**Pidato Pengukuhan Jabatan Guru Besar
dalam Bidang Genetika Populasi
pada Fakultas Biologi
Universitas Gadjah Mada**

**Oleh:
Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.**

Bismillahirrahmanirrahim

Yang terhormat

Ketua, Sekretaris, dan Anggota Majelis Wali Amanat Universitas Gadjah Mada;
Rektor dan para Wakil Rektor Universitas Gadjah Mada;
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Akademik Universitas Gadjah Mada;
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Dewan Guru Besar Universitas Gadjah Mada;
Para Guru Besar Universitas Gadjah Mada
Para Dekan dan Wakil Dekan, Kepala Departemen, Direktur, dan Kepala Pusat Studi di
Lingkungan Universitas Gadjah Mada;
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada;
Rekan-rekan sejawat dosen dan segenap civitas akademika Universitas Gadjah Mada;
Para tamu undangan, sanak keluarga yang saya cintai, serta hadirin sekalian yang
berbahagia

Assalamu'alaikum warahmatullahi wabarokatuh

Alhamdulillahil robbil 'alamin, Segala puji bagi Allah *Subhanahu wa Ta'ala*, Tuhan semesta alam, atas limpahan rahmat, taufik, dan hidayah-Nya yang tiada henti. Shalawat serta salam senantiasa tercurah kepada junjungan kita, Nabi Muhammad SAW, suri teladan agung yang membawa cahaya ilmu dan peradaban bagi umat manusia. Dengan izin-Nya, kita semua dapat hadir di Balai Senat dalam keadaan sehat dan sejahtera.

Sebuah kehormatan bagi saya yang diberi kesempatan dan kepercayaan untuk menyampaikan pidato pengukuhan sebagai Guru Besar pada Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada dalam bidang Genetika Populasi. Dengan segala kerendahan hati, dihadapan para hadirin yang saya muliakan, izinkan saya untuk menyampaikan pidato dengan judul:

**PERAN GENETIKA POPULASI DALAM PERLINDUNGAN DAN
PEMANFAATAN SUMBER DAYA HAYATI YANG BERKELANJUTAN DI
INDONESIA UNTUK MENDUKUNG KESEJAHTERAAN MANUSIA**

Pimpinan sidang dan hadirin yang saya muliakan,

Topik ini menjadi fokus saya dalam mengembangkan bidang ilmu yang saya tekuni yaitu Genetika Populasi. Genetika Populasi merupakan cabang dari Genetika yang lebih menitikberatkan pada komposisi genetik pada suatu populasi. Genetika Populasi menyediakan dasar-dasar teori dan analisis yang diperlukan untuk mengidentifikasi dan mengukur keragaman genetik dalam suatu populasi sehingga populasi-populasi rentan atau yang memiliki keragaman genetik rendah dapat segera diprioritaskan untuk upaya konservasi. Selain itu pemahaman struktur genetik populasi memungkinkan pengelolaan sumber daya hayati secara berkelanjutan dan memastikan bahwa keanekaragaman genetik tidak hilang serta membantu memahami bagaimana populasi beradaptasi terhadap perubahan lingkungan dan memberikan wawasan tentang ketahanan spesies terhadap perubahan iklim atau gangguan lainnya. Dengan informasi dari Genetika Populasi ini, kita dapat mengembangkan strategi yang lebih efektif untuk melestarikan dan memanfaatkan sumber daya hayati secara berkelanjutan dan menjamin terselenggaranya

beberapa cakupan *Sustainable Development Goals* (SDGs) atau Tujuan Pembangunan Berkelanjutan yaitu SDG 2 (mengakhiri kelaparan dan meningkatkan ketahanan pangan), SDG 3 (menjamin kehidupan sehat dan kesejahteraan), SDG 12 (konsumsi dan produksi yang bertanggung jawab), SDG 14 (konservasi kehidupan di bawah air), SDG 15 (perlindungan ekosistem darat), SDG 16 (perdamaian, keadilan, dan lembaga yang kuat) dan SDG 17 (kemitraan untuk mencapai tujuan).

Hadirin yang terhormat,

Potensi Sumber Daya Hayati di Indonesia

Indonesia merupakan negara kepulauan yang terdiri ± 17.000 pulau di wilayah tropis dengan luas daratan 1.919.440 km² dan luas perairan 3.257.482 km² dengan garis pantai sepanjang 99.093 km. Berdasarkan letaknya, Indonesia dilalui oleh dua jalur pegunungan muda dunia, yaitu Pegunungan Mediterania di sebelah barat dan Pegunungan Sirkum Pasifik di sebelah timur. Kondisi wilayah ini menyebabkan Indonesia memiliki keanekaragaman hayati yang sangat tinggi termasuk tingkat endemik spesies yang dimiliki (Darajati *et al.*, 2016). Dari 36 *Biodiversity Hotspots* yang ada di dunia, Indonesia memiliki 2 *Biodiversity Hotspots* yaitu Sundaland dan Wallacea (Myers *et al.*, 2000). *Biodiversity Hotspots* adalah kawasan geografis tertentu yang memiliki dua karakteristik utama. yaitu: 1) keanekaragaman hayati yang sangat tinggi dengan jumlah spesies endemik (spesies yang hanya ditemukan di wilayah tersebut) yang signifikan, 2) tingkat ancaman yang tinggi terhadap keanekaragaman hayati tersebut dan umumnya lebih dari 70% habitat aslinya telah hilang. Konsep ini pertama kali diperkenalkan oleh ekolog Norman Myers pada tahun 1988 dan kemudian dikembangkan oleh organisasi *Conservation International*. Tujuannya adalah untuk mengidentifikasi wilayah prioritas tertinggi untuk konservasi keanekaragaman hayati global (Myer, 1988). Kawasan-kawasan yang termasuk dalam *Biodiversity Hotspots* mendapat perhatian khusus dalam upaya konservasi global karena kawasan-kawasan tersebut mewakili investasi konservasi yang sangat efisien, melindungi sebagian kecil wilayah bumi namun menyelamatkan proporsi keanekaragaman hayati yang sangat besar.

Dari kedua *Biodiversity Hotspots* (Sundaland dan Wallacea) tersebut, maka Indonesia memiliki potensi sumber daya hayati yang luar biasa dan dapat digali manfaat bagi kesejahteraan manusia. Sumber daya hayati ini memiliki nilai ekonomi, ekologi, dan ilmiah yang tinggi serta berpotensi untuk dikembangkan dalam berbagai bidang seperti bioprospeksi, bioteknologi, dan produk bernilai tambah. Bioprospeksi adalah proses pencarian senyawa bioaktif dari organisme hidup untuk pengembangan produk farmasi dan pengobatan. Indonesia kaya akan tanaman rimpang dan tanaman herbal yang senyawa aktifnya saat ini telah banyak dikembangkan dalam industri farmasi. Beberapa contoh senyawa aktif tersebut antara lain *gingerol*, *shogaol*, *zingerone* dari jahe (*Zingiber officinale*) (Mashhadi *et al.*, 2013), *kurkumin* dan *demethoxycurcumin* dari kunyit (*Curcuma longa*) (Iweala *et al.*, 2023), *kurkuminoid* dan *xanthorrhizol* dari Temulawak (*Curcuma xanthorrhiza*) (Pramono *et al.*, 2018), yang semuanya dapat digunakan untuk anti-inflamasi dan antioksidan. Selanjutnya *andrographolide* dari tanaman sambiloto (*Andrographis paniculata*) yang memiliki fungsi meningkatkan sistem imun dan bersifat anti-inflamasi (Zhang *et al.*, 2021), kemudian *eugenol* dari tanaman sirih (*Piper betle*) yang memiliki manfaat sebagai antiseptik dan antibakteri (Aara *et al.*, 2020), *artemisinin* senyawa aktif dari tanaman anuma (*Artemisia annua*) dan digunakan dalam pengobatan malaria yang saat ini digunakan secara global (Lee *et al.*, 2023), *vincristine* dan

vinblastine yang diekstrak dari tanaman tapak dara (*Catharanthus roseus*) yang bersifat antimitotik, saat ini dikembangkan oleh Prof. Dr. Budi Setyadi Daryono, M.Agr.Sc dan tim dari Lab Genetika & Pemuliaan, Fakultas Biologi UGM sebagai pengganti kolkhisin yaitu zat pengganda kromosom dan diaplikasikan pada tanaman hortikultura untuk peningkatan produksinya (Tammu *et al.*, 2021). Produk tersebut telah memperoleh paten dengan nama Biochatarantine. Beberapa tumbuhan dan tanaman di Indonesia juga memiliki potensi untuk dikembangkan sebagai biopestisida yaitu antara lain mimba (*Azadirachta indica*) yang mengandung *azadirachtin* (Thakore & Srivastava, 2017; Adhikari *et al.*, 2020) dan beberapa jenis jeruk (*Citrus spp*) yang mengandung *limonene* (Mursiti *et al.*, 2019; Fernando *et al.*, 2024; Gupta *et al.*, 2025) dan kedua senyawa aktif tersebut dapat digunakan untuk repelen serangga. Senyawa aktif dari sumber daya hayati hewan antara lain *chlorotoxin* dari racun dari kalajengking yang dikembangkan sebagai pengikat sel kanker otak (Arzamasov *et al.*, 2014; Nasr *et al.*, 2023). Berikutnya *albumin* dari ikan gabus (*Channa striata*) yang bermanfaat untuk mempercepat penyembuhan luka paska operasi (Pratiwi *et al.*, 2025), *chitosan* dari kulit udang, cangkang kepiting, dan sisik ikan dapat dimanfaatkan untuk bahan industri farmasi dan kosmetik (Kumari *et al.*, 2013; Sixto-Berrocal *et al.*, 2023), *hirudin* dari lintah (*Hirudo medicinalis*) digunakan sebagai antikoagulan yang kuat (Junren *et al.*, 2021), *Bufoadienolide* dari amfibi spesies *Bufo melanostictus* yang dapat digunakan sebagai anti kanker (Meng *et al.*, 2019; Ye *et al.*, 2024), dan *cardiotoxin* dari ular kobra (*Naja sputatrix*) yang saat ini dikembangkan sebagai agen kemoterapi (Ma *et al.*, 2002). Indonesia juga memiliki sumber daya hayati perairan, salah satunya adalah algae. Makro dan mikroalga mengandung senyawa aktif *astaxanthine* dan *fucoxanthin* yang banyak digunakan pada produk kosmetik terutama sebagai bahan memperbaiki elastisitas kulit, mencegah kerusakan kolagen, dan melembabkan kulit (Kumar *et al.*, 2021; Lourenço-Lopes *et al.*, 2021; Medhi and Kalita, 2021; Nugraha *et al.*, 2023). Indonesia juga kaya akan sponge yang saat ini tengah dikembangkan untuk untuk terapi sel kanker (Nugraha *et al.*, 2023)

Sumber daya hayati tanaman di Indonesia memiliki potensi dan telah banyak dikembangkan untuk menunjang ketahanan pangan yaitu antara lain pada padi lokal (contoh: padi Merah Pari Eja, Aek Sibundong, and Delima Merah yang tahan kekeringan) (Sebastian *et al.*, 2022), jagung lokal (contoh: jagung pulut lokal Sulawesi (Genesika *et al.*, 2020) dan bisma (Latuharhary dan Saputro, 2017) yang tahan terhadap penyakit bulai dan kekeringan); kedelai lokal (contoh: Dena 1 dan Argomulyo yang toleran terhadap naungan) (Gusmiatun *et al.*, 2022); ubi lokal (contoh: ubi cilembu, ubi madu lampung, ubi madu merah yang tahan terhadap kekeringan) (Yani dan Rawiniwati, 2020); tanaman hortikultura (contoh cabai katokkon yaitu cabai lokal dari Toraja Utara yang tahan terhadap perubahan cuaca ekstrem) (Daryono dan Tammu, 2022). Sumber daya hayati hewan di Indonesia juga sangat tinggi untuk ketahanan pangan salah satu contohnya adalah berbagai macam ayam lokal Indonesia yang berpotensi untuk dikembangkan menjadi ayam petelur dan ayam pedaging melalui berbagai persilangan. Saat ini tim Gama Ayam di bawah supervisi Prof. Dr. Budi Setyadi Daryono, M.Agr.Sc. juga telah melakukan berbagai persilangan ayam lokal Indonesia untuk menghasilkan produksi daging ayam dan telur yang tinggi agar kita tidak bergantung pada ayam impor.

Keanekaragaman hayati di Indonesia yang berupa produk bernilai tambah dari hasil hutan non-kayu di Indonesia juga memiliki potensi untuk dikembangkan yaitu antara lain madu hutan yang dapat diolah menjadi madu, propolis dan royal jelly untuk industri makanan dan minuman serta farmasi (Purwanto *et al.*, 2022); rotan yang dapat diolah menjadi kerajinan dan furnitur premium (Sulaiman *et al.* 2023); damar yang dapat diolah menjadi resin alami untuk industri cat dan pernis (Kasim *et al.*, 2020) serta material

kedokteran gigi (Usri *et al.*, 2020); gaharu yang dapat diolah menjadi minyak esensial untuk aroma terapi dan parfum (Triesty dan Mahfud, 2017); kulit kayu manis yang dapat dimanfaatkan dalam industri farmasi dan kosmetik (Tisnadjaya *et al.*, 2020); gambar untuk pewarna alami pada tekstil (Failisnur *et al.*, 2020).

Selanjutnya untuk ekowisata, sumber daya hayati di Indonesia telah dikembangkan sebagai destinasi wisata berbasis konservasi, yaitu antara lain Taman Nasional Komodo di NTT yang melindungi komodo dan ekosistem pulau dengan menawarkan wisata yang terkendali dan berkelanjutan (Ziku, 2015; Hidyarko *et al.*, 2021); Kepulauan Raja Ampat di Papua Barat yang kaya akan keanekaragaman hayati bawah laut dan untuk konservasinya melibatkan masyarakat lokal agar tetap lestari dan dapat dinikmati untuk wisata (Larasati dan Aminun, 2023; Azizah dan Abdullah, 2024); Pulau Maratua di Kalimantan Timur yang merupakan kawasan untuk konservasi penyu dan terumbu karang dengan melibatkan masyarakat lokal (Seyasih dan Helmy, 2021); Bukit Lawang, Sumatra Utara yang merupakan pusat rehabilitasi orangutan juga digunakan untuk wisata *tracking* hutan yang dikelola dengan prinsip berkelanjutan (Susilawati *et al.*, 2020).

Potensi-potensi sumber daya hayati tersebut mendukung terselenggaranya SDGs 2, 3, 12, 14, 15 dan 17 dan potensi-potensi tersebut akan terus bertambah seiring adanya penemuan spesies-spesies baru termasuk keberadaan spesies-spesies kriptik yang saat ini banyak ditemukan di Indonesia. Hal tersebut akan dibahas pada ulasan selanjutnya.

Para hadirin yang saya hormati,

Peran Genetika Populasi dalam Mendeteksi Spesies Kriptik dan Keragaman Genetik

Indonesia memiliki keanekaragaman hayati yang sangat tinggi dan dikelompokkan ke dalam dua bagian, yaitu biota perairan dan biota terrestrial. Biota perairan yang telah teridentifikasi terdiri dari fauna 6.741 spesies (vertebrata 4.756 spesies dan invertebrata 1.985 spesies), flora (lamun dan mangrove) 143 spesies, algae 971 spesies, dan mikroba 406 spesies. Biota terrestrial terdiri dari fauna 16.042 spesies (vertebrata 3.433 spesies dan invertebrata 12.609 spesies), flora 108.973 spesies (jamur 86.000 spesies, lichens 595 spesies, lumut 949 spesies, paku-pakuan 2.197 spesies, Gymnospermae 120 spesies, Angiospermae 19.112 spesies), mikroba 401 spesies (Darajati *et al.*, 2016). Jumlah keanekaragaman hayati tersebut akan terus bertambah seiring dengan ditemukannya spesies-spesies baru termasuk spesies-spesies kriptik (*cryptic species*). Spesies kriptik adalah spesies yang secara morfologi sangat mirip atau bahkan identik, namun memiliki perbedaan genetik yang signifikan dan terisolasi secara reproduktif, sehingga sebenarnya merupakan spesies yang berbeda. Deteksi spesies kriptik sulit dilakukan jika hanya berdasarkan karakter morfologis, karena adanya fenomena plastisitas fenotipik (*phenotypic plasticity*) yaitu kemampuan menghasilkan fenotip yang berbeda akibat respon terhadap perubahan lingkungan dan variasi dalam bereproduksi. Oleh karena itu Genetika Populasi memiliki peran penting dalam mendeteksi spesies kriptik melalui berbagai metode molekuler yang menganalisis jarak genetik dalam suatu populasi (intrapopulasi) maupun antar populasi (interpopulasi), pohon filogenetik, aliran gen, dan struktur populasi serta ada tidaknya hubungan antar haplotipe. Peran Genetika Populasi dalam mendeteksi spesies kriptik ini mendukung SDGs 14 dan 15.

Penggunaan gen-gen standar dalam metode DNA *barcoding* yaitu antara lain gen *Cytochrome c Oxidase Subunit I (COI)* yang didukung dengan data mikrosatelit mampu

mengungkap keberadaan spesies kriptik pada belut sawah di Indonesia yaitu spesies endemik belut sawah yang hanya dijumpai di Indonesia khususnya di Jawa (Arisuryanti, 2016; Arisuryanti *et al.*, 2016). Keadaan ini didasari tingginya nilai perbedaan genetik antar haplogroup dan nilai ambang batas spesies (*species threshold*), adanya alel-alel diagnostik, terbatasnya aliran gen, dan adanya isolasi reproduksi.

Penggunaan gen *COI* juga mampu mendeteksi keberadaan spesies kriptik pada udang windu di perairan Indonesia (Yudhistira & Arisuryanti, 2019). Selama ini udang windu dianggap hanya satu spesies yaitu *Penaeus monodon*. Namun dari hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa udang windu di perairan Indonesia terdiri dari dua spesies yang berbeda berdasarkan ambang batas spesies (*species threshold*) dari data jarak genetik dan tidak adanya aliran gen serta pemisahan klad (*clade*) yang signifikan didukung oleh analisis pohon filogenetik dengan metode berbasis jarak (*distance based method*) dan metode berbasis karakter (*character based method*). Penelitian ini diharapkan dapat menjadi rujukan dalam mencari indukan untuk produksi udang windu di *hatchery*, karena jika salah dalam memilih indukan udang windu karena merupakan spesies kriptik maka yang akan terjadi adalah penurunan produksi akibat adanya *hybrid breakdown* (penurunan viabilitas pada hibrid akibat perkawinan beda spesies).

Penggunaan gen *COI* juga mampu mendeteksi spesies kriptik pada ikan glodok spesies *Periophthalmus argentilineatus* (Arisuryanti *et al.*, 2018; Rha'ifa *et al.*, 2021; Aji & Arisuryanti, 2021; Febrianti *et al.*, 2024; Arisuryanti *et al.*, 2024) dan *Boleophthalmus boddarti* serta *Boleophthalmus pectinorostris* (Shabrina *et al.*, 2024). Selain gen *COI*, gen *16S rRNA* juga digunakan untuk mendeteksi adanya spesies kriptik terutama pada amfibi, antara lain spesies-spesies kriptik pada genus *Microhyla* (Atmaja *et al.*, 2018; Eprilurahman *et al.*, 2021a, Eprilurahman *et al.*, 2021b; Eprilurahman *et al.*, 2023; Atmaja *et al.*, 2025) dan genus *Chalcorana* (Sabinhaliduna *et al.*, 2022).

Selanjutnya pada jamur digunakan gen ITS sebagai penanda molekuler untuk mendeteksi spesies kriptik (Badotti *et al.*, 2017). Penggunaan gen *ITS1* dan *ITS2* antara lain mampu mendeteksi adanya spesies kriptik pada jamur *Amylomyces rouxii* (Delva *et al.*, 2022) dengan pemisahan yang signifikan dari analisis pohon filogenetik dan tingginya nilai ambang batas spesies. Berikutnya pada tumbuhan digunakan gen *MatK* dan *RbcL* untuk mendeteksi spesies kriptik (Amandita *et al.*, 2024). Penggunaan gen *MatK* yang dikombinasikan dengan gen *RbcL* antara lain mampu mengidentifikasi spesies kriptik pada anggota famili Fabaceae terutama pada anggota genus *Vicia* (Han *et al.*, 2021; Wardani *et al.*, 2022).

Kondisi geografis Indonesia sebagai negara kepulauan dengan berbagai ragam kondisi wilayah yang berbeda-beda yaitu ada dataran tinggi dan rendah, karst, hutan gambut, hutan hujan tropis, hutan mangrove, dan keberadaan gunung berapi serta adanya danau, sungai, dan pantai menciptakan terjadinya isolasi geografis secara alami yang mempengaruhi keragaman genetik baik intra maupun interpopulasi. Untuk mendeteksi keragaman genetik tersebut diperlukan peran Genetika Populasi dengan menggunakan metode molekuler untuk menganalisis heterozigositas, polimorfisme lokus, keragaman haplotipe, keragaman nukleotida, distribusi frekuensi alel, struktur populasi, dan divergensi genetik.

Data profil keragaman genetik suatu populasi memberikan gambaran bagaimana suatu populasi berevolusi dan beradaptasi serta bagaimana alel-alel diwariskan dalam jangka panjang. Pemetaan keragaman genetik dapat membantu kita dalam memahami asal usul dan hubungan evolusi antar populasi serta gambaran apakah suatu populasi mengalami aliran gen dari populasi lain atau mengalami isolasi genetik yang menyebabkan spesiasi. Pemetaan keragaman genetik ini mendukung SDGs 14 dan 15.

Selain itu akibat adanya fragmentasi habitat dan perubahan iklim dapat menyebabkan suatu populasi kehilangan aliran gen sehingga terjadi isolasi genetik yang juga akan mengarah pada spesiasi. Dengan demikian pemetaan keragaman genetik sangat berguna untuk tujuan konservasi, pemuliaan dan juga forensik.

Penggunaan penanda molekuler mikrosatelit dengan lima (5) lokus mampu menggambarkan keragaman genetik belut sawah *Monopterus javanensis* baik intra maupun interpopulasi di Indonesia berdasarkan nilai heterosigositas, divergensi genetik (F_{ST}), jumlah alel per lokus, persentase polimorfik, dan analisis struktur populasi (Arisuryanti, 2016). Berdasarkan data divergensi genetik (F_{ST}) antar populasi belut sawah spesies *Monopterus javanensis* yang cukup signifikan tersebut menunjukkan tingkat isolasi genetik yang mengarah pada spesiasi akibat adanya keterbatasan aliran gen antar populasi. Selanjutnya penggunaan gen-gen mitokondria yang memiliki laju mutasi lebih cepat dibandingkan gen-gen inti juga dapat digunakan untuk mendeteksi keragaman genetik baik intra maupun interpopulasi antara lain penggunaan gen *COI* untuk deteksi keragaman genetik berbagai jenis ikan air tawar sebagai contoh pada ikan tembakang (*Helostoma temminckii*) (Arisuryanti *et al.*, 2019) dan ikan gabus (*Channa striata*) (Arisuryanti *et al.*, 2020), ikan air laut sebagai contoh pada ikan terubuk (*Tenualosa macrura*) (Arisuryanti *et al.*, 2022), dan ikan estuari sebagai contoh ikan glodok (*Periophthalmus kalolo*) (Arisuryanti, *et al.*, 2023).

Keragaman genetik ikan-ikan tersebut di Indonesia masih cukup tinggi berdasarkan analisis jumlah haplotipe, keragaman haplotipe, keragaman nukleotida, hubungan antar haplotipe dan adanya situs polimorfik pada sekuen gen target. Selain itu juga masih ada aliran gen sehingga belum terindikasi adanya isolasi genetik. Tingginya keragaman genetik dan adanya aliran gen mengindikasikan bahwa populasi dalam keadaan sehat sehingga lebih mampu mengurangi risiko *inbreeding* dan lebih mampu beradaptasi terhadap perubahan lingkungan seperti perubahan iklim dan tekanan seleksi lainnya sehingga lebih kecil mengalami kepunahan. Berdasarkan data keragaman genetik yang tinggi pada populasi ikan-ikan tersebut dapat diketahui tentang *wild-caught broodstock* yaitu indukan alam yang penting dalam bidang pemuliaan ikan.

Berikutnya marker lain yang juga dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik yaitu *D-loop* dan gen *16S* rRNA. *D-loop* merupakan region yang bersifat *hyper-variable* dengan laju mutasi lebih cepat dibanding gen *COI* dan *16S* rRNA dan juga sering digunakan untuk deteksi keragaman genetik antara lain pada kelelawar buah (*Cynopterus brachyotis*) (Mubarok *et al.*, 2022) dan kijang (*Axis axis*) di Jawa (Pratama *et al.*, 2023). Keragaman genetik intra dan interpopulasi kelelawar buah tersebut sangat tinggi, sedangkan pada kijang cukup rendah. Keragaman genetik yang tinggi pada kelelawar buah memerlukan upaya konservasi yang komprehensif termasuk konservasi habitat tempat hidupnya maupun tempat mencari makan. Upaya konservasi tersebut perlu dilakukan mengingat kelelawar buah merupakan hewan penyebar biji (*seed disperser*) sehingga berperan dalam regenerasi tumbuhan atau pohon di suatu area. Kelelawar juga merupakan indikator kesehatan suatu ekosistem. Apabila populasi kelelawar dalam keadaan stabil (ditinjau dari keragaman genetiknya), maka hal tersebut mencerminkan lingkungan yang sehat, karena kelelawar buah sensitif terhadap perubahan habitat. Adapun keragaman genetik kijang yang cukup rendah tersebut disebabkan karena induk kijang berasal dari proses penangkaran dan hal ini dapat dilihat dari analisis jejaring haplotipe. Proses penangkaran umumnya menggunakan jumlah indukan yang terbatas, sehingga kemungkinan besar terjadi perkawinan sekerabat (*inbreeding*) yang dapat menimbulkan *inbreeding depression* yaitu penurunan kualitas kesehatan dan daya tahan

tubuh serta kesuburan, dan penurunan kemampuan adaptasi terhadap lingkungan (Charlesworth and Willis, 2009).

Selanjutnya gen *16S* rRNA juga dapat digunakan untuk mendeteksi keragaman genetik antara lain pada udang merah (*Parhippolyte weae*) di Tanjung Sanjangan Tolitoli (Sulawesi Tengah) (Sari dan Arisuryanti, 2020), dan katak baram (*Pulchrana baramica*) di Jawa, Sumatra, dan Kalimantan (Fauzi *et al.*, 2024). Keragaman genetik pada udang merah cukup rendah, sedangkan pada katak sangat tinggi. Rendahnya keragaman genetik pada udang merah tersebut kemungkinan karena udang merah hidup pada habitat spesifik dengan arus yang tenang dan cenderung tidak bermigrasi jauh (*sedentary*). Analisis jejaring haplotipe memperlihatkan tidak ada aliran gen dan kondisi ini dapat menyebabkan terjadinya isolasi genetik namun dengan potensi terjadi *inbreeding*. Selanjutnya katak baram dengan keragaman genetik interpopulasi yang tinggi memiliki potensi mengalami spesiasi karena adanya isolasi geografis dan tekanan seleksi.

Hadirin yang saya hormati,

Peran Genetika Populasi dalam Pemantauan dan Perlindungan Keanekaragaman Hayati

Genetika populasi memiliki peran krusial dalam memahami, memantau, dan melindungi keanekaragaman hayati. Dengan menganalisis variasi genetik dalam suatu populasi, kita bisa menilai kesehatan ekosistem, mendeteksi ancaman kepunahan, serta merancang strategi konservasi yang efektif dan berbasis data ilmiah (Hoban *et al.* 2021). Parameter-parameter yang perlu diamati untuk pemantauan keanekaragaman hayati meliputi heterozigositas, polimorfisme lokus, keragaman haplotipe dan nukleotida, jumlah alel per lokus, divergensi genetik, struktur populasi, dan derajat *inbreeding* (Barrandeguy & García, 2014). Penemuan spesies-spesies kriptik baik pada tumbuhan, hewan dan mikrobia di Indonesia memerlukan nama spesies yang jelas agar memudahkan dalam pemantauan dan perlindungannya. Pemberian nama ilmiah harus mengikuti kaidah-kaidah baku setelah data karakter morfologis dan molekuler serta data pendukung lainnya dianalisis secara komprehensif. Spesies-spesies kriptik yang ditemukan juga memiliki potensi untuk dikembangkan baik untuk pangan, obat herbal, vaksin, biopestisida, dan lain-lain. Oleh karena itu diperlukan pemantauan secara holistik dan perlindungan yang lebih spesifik sesuai kebutuhan spesies masing-masing dan tidak dieksploitasi secara berlebihan (Hending, 2025) untuk mendukung SDGs 2, 3, 14, 15. Berdasarkan hal itu peran kurator keanekaragaman hayati sangat diperlukan dalam mengidentifikasi spesies-spesies tersebut. Profesi kurator keanekaragaman hayati menjadi profesi yang sangat dibutuhkan saat ini dan di masa yang akan datang mengingat masih banyak keanekaragaman hayati di Indonesia yang belum teridentifikasi dengan benar. Namun demikian profesi kurator keanekaragaman hayati di Indonesia baru ada satu dan bahkan satu-satunya di Asia yaitu Pendidikan Profesi Kurator Keanekaragaman Hayati di Fakultas Biologi UGM. Hal ini tentunya menjadi hal yang perlu diperhatikan oleh pemerintah agar kelestarian keanekaragaman hayati di Indonesia tetap terjaga.

Pemantauan keragaman genetik juga perlu selalu dilakukan pada populasi-populasi dengan keragaman genetik yang rendah akibat adanya fragmentasi habitat yang menyebabkan terbatasnya pergerakan individu-individu antar populasi sehingga aliran gen menjadi terbatas bahkan terhenti (Ralls *et al.*, 2018). Populasi-populasi yang terisolasi tersebut kemungkinan besar berisiko mengalami *inbreeding depression* dan efek *bottleneck* akibat penurunan jumlah individu dalam populasi. Kedua kondisi tersebut dapat mengarah pada kepunahan akibat penurunan fertilitas, penurunan daya

tahan tubuh, pertumbuhan yang lambat, dan adanya kelainan genetik (Bersabe *et al.*, 2016; Foster *et al.*, 2021). Populasi dengan keragaman genetik rendah juga memiliki keterbatasan dalam merespon perubahan lingkungan, seperti perubahan suhu, ketersediaan makanan, dan tekanan predator (Foster *et al.*, 2021). Oleh karena itu penting dilakukan upaya pengelolaan habitat untuk meningkatkan populasi liar (*wild-type*) yang masih memiliki alel-alel yang beragam, sehingga dapat digunakan sebagai indukan untuk tujuan pemuliaan yang selektif terutama pada spesies-spesies yang perlu ditangkarkan karena jumlahnya yang terus menurun dan juga dilakukan pencatatan silsilah sehingga dapat dihindari adanya perkawinan sekerabat (*inbreeding*). Hal lain yang dapat dilakukan adalah melakukan upaya pertukaran individu-individu (relokasi) dari populasi dengan keragaman genetik tinggi ke populasi dengan keragaman genetik rendah sehingga diharapkan alel-alel yang penting tidak hilang dan heterozigositas terjaga dengan baik (Bubac *et al.*, 2019; Hohenlohe *et al.*, 2020).

Data struktur genetik populasi yang menggambarkan tidak adanya aliran gen, sedikitnya jumlah alel efektif (*effective allele*), dan heterozigositas atau keragaman genetik yang rendah, umumnya juga dijumpai pada spesies-spesies langka yang terancam punah. Oleh karena itu pemantauan dapat dilakukan secara lebih intensif dengan berbagai cara antara lain melalui survei lapangan contohnya penggunaan kamera jejak (kamera otomatis untuk hewan liar), deteksi sarang, deteksi suara (bioakustik), dan deteksi jejak menggunakan teknologi identifikasi jejak (*Footprint Identification Technology-FIT*) yaitu suatu metode morfometrik dari jejak kaki hewan untuk membuat profil geometris yang dianalisis dalam klasifikasi yang disesuaikan. Metode FIT telah dikembangkan menggunakan perangkat lunak, sehingga metode ini dapat mengidentifikasi spesies, jenis kelamin, dan individu. Kemampuan untuk mengidentifikasi individu ini kemudian dapat digunakan untuk memprediksi berbagai parameter populasi termasuk ukuran, distribusi dan laju pertumbuhan (Kistner *et al.*, 2024). Selain itu pemantauan menggunakan metode *genetic non-invasive sampling* (gNIS) (contoh: rambut, bulu, feses, saliva, cangkang telur) (Schultz *et al.*, 2022) serta metode *environmental-DNA* (e-DNA) (Waits and Paetkau, 2005; Sahu *et al.*, 2023) juga diperlukan untuk mengidentifikasi spesies, mendeteksi keragaman dan struktur populasi. Data-data yang diperoleh selanjutnya dapat digunakan untuk memprediksi pertumbuhan populasi maupun kepunahan populasi melalui pemodelan populasi menggunakan berbagai macam program antara lain program VORTEX (Lacy, 2000; Lacy and Pollak, 2025).

Data-data Genetika Populasi juga dapat diaplikasikan dalam DNA forensik satwa liar yang dilindungi yaitu dalam mengidentifikasi spesies kemudian mendeteksi jumlah alel, keberadaan alel-alel spesifik (*private allele*) dan frekuensinya. Metode DNA forensik tersebut penting diaplikasikan ketika ada penyitaan produk dari satwa liar yang dilindungi (contoh gading gajah dan kulit harimau) maupun satwa liar dilindungi yang akan dijual secara ilegal (contoh orangutan). Deteksi yang dilakukan yaitu meliputi identifikasi spesies individu satwa liar maupun produknya yang akan diperdagangkan kemudian mendeteksi apakah produk maupun individu dari satwa liar yang dilindungi tersebut merupakan hasil penangkaran atau dari populasi alam (*wild-type*) (Jabin *et al.*, 2020). Jika individu berasal dari penangkaran, maka terdapat kesamaan genotipe dengan populasi dari penangkaran, sedangkan apabila individu berasal dari populasi liar (*wild-type*), maka hanya sedikit atau bahkan tidak ada kesamaan genotipe dengan populasi penangkaran (Schenekar and Weiss, 2017; Telli and Gurleyen, 2017; Wang *et al.* 2025). Selain itu data genetik yang diperoleh juga dapat digunakan untuk menelusuri dari mana wilayah satwa liar dilindungi tersebut berasal. Oleh karena itu basis data profil genetik spesies satwa dilindungi dari populasi liar dan populasi penangkaran perlu dibuat agar

memudahkan dalam mengatasi perdagangan satwa liar maupun produknya secara legal. Sebagai contoh pemanfaatan metode DNA forensik ini yaitu mampu mengidentifikasi benda-benda yang disita berupa kulit, tengkorak, ekor, kuku, dan taring harimau dan menunjukkan bahwa benda-benda yang disita tersebut berasal dari tiga spesies anggota famili Felidae yang berasal dari Indonesia (Priyono *et al.*, 2025).

Selanjutnya data-data genetika populasi dapat digunakan dalam proses penangkaran satwa yang dilindungi sebelum dilepas ke alam liar/habitat aslinya. Terdapat beberapa kriteria yang perlu diperhatikan dalam proses penangkaran satwa yang dilindungi yaitu identifikasi spesies yang akan ditangkarkan harus benar agar kemurnian genetik suatu spesies tetap terjaga dan hal ini penting dalam usaha-usaha konservasi serta jangan sampai terjadi *outbreeding depression* yaitu suatu kondisi terjadinya hibridisasi DNA yang dapat meningkatkan peluang munculnya karakter resesif yang tidak adaptif, sehingga menyebabkan penurunan kemampuan bertahan hidup atau reproduksi (*fitness*) pada keturunan yang dihasilkan dari persilangan antara dua individu yang secara genetik terlalu jauh berbeda (Lavenia *et al.*, 2024; Leung *et al.*, 2025). Berikutnya yang kedua yaitu perlu dipastikan alel-alel yang berasal dari populasi liar selalu diwariskan kepada generasi berikutnya pada saat dilakukan penangkaran. Keberadaan alel-alel dari populasi liar atau *wild-type alleles* tersebut penting untuk selalu dideteksi jumlah dan frekuensinya secara berkala hingga satwa siap untuk dilepaskan ke alam liar. Semakin tinggi persentase *wild-type alleles* pada induk yang digunakan dalam penangkaran, maka semakin tinggi tingkat kelangsungan hidup keturunannya di alam liar. Hal ini disebabkan karena adanya *wild-type alleles* dapat membantu memulihkan kemampuan bertahan hidup dan bereproduksi (*fitness*) individu-individu hasil penangkaran yang akan dilepaskan di alam/habitat aslinya (Sahashi and Morita, 2022). Hal tersebut perlu dilakukan karena individu-individu populasi yang dikembangkan secara tertutup di lingkungan buatan, maka individu-individu tersebut telah beradaptasi terhadap lingkungan penangkaran dan kehilangan sifat-sifat penting untuk bertahan hidup di alam (Grueber *et al.*, 2017). Oleh karena itu beberapa peneliti Genetika Populasi menyarankan salah satu cara untuk menanggulangi masalah tersebut adalah mengintegrasikan *wild-type alleles* melalui proses pemuliaan selektif.

Hadirin yang saya hormati,

Peran Genetika Populasi dalam Penentuan Arah Kebijakan untuk Pemanfaatan Keanekaragaman Hayati yang Berkelanjutan

Terbatasnya data keanekaragaman hayati di Indonesia menyebabkan kendala dalam menentukan arah kebijakan baik untuk perlindungan keanekaragaman hayati tersebut maupun pemanfaatannya secara optimal. Data yang terbatas menyebabkan kesulitan dalam mengantisipasi ancaman dari kepunahan bahkan terdapat banyak spesies yang telah punah namun belum sempat terdeteksi dan diteliti baik populasi dan persebarannya. Lebih dari dua juta hektare kawasan konservasi di Indonesia mengalami kerusakan tanpa rencana restorasi yang efektif, karena minimnya informasi tentang kondisi lahan. Penurunan populasi satwa liar juga semakin tinggi hingga mencapai > 60% akibat kurangnya data mengenai peta distribusi dan ancaman. Keterbatasan data juga membuat potensi alam tidak bisa dikembangkan dengan optimal. Minimnya dokumentasi biodiversitas menghambat penelitian dan pengembangan di sektor ekonomi berbasis sumber daya hayati, seperti industri farmasi, pangan, energi dan bioteknologi (The Conservation, 2025).

Estimasi populasi dan persebaran suatu spesies memiliki arti yang penting dalam pengambilan kebijakan untuk perlindungan spesies tersebut dan juga pemanfaatannya. Hal ini disebabkan karena data dari estimasi populasi dan persebaran suatu spesies dapat digunakan untuk: 1) menentukan status konservasi suatu spesies apakah masuk dalam kategori status belum termasuk kategori mengawatirkan (*least concern*), rentan (*vulnerable*), kritis (*critically endangered*), dan terancam (*endangered*), 2) mendeteksi tren penurunan atau peningkatan populasi, sehingga dapat diantisipasi kebijakan-kebijakan preventif atau restoratif agar spesies tidak punah, 3) menentukan prioritas perlindungan terutama untuk spesies-spesies dengan populasi kecil dan persebaran terbatas, 4) menetapkan wilayah penting untuk konservasi terutama di area-area yang penting sebagai habitat kunci dan koridor migrasi, sehingga aliran gen masih terjadi untuk menjaga heterozigositas antar populasi, 5) menentukan kebijakan dalam pemanfaatan berkelanjutan terutama untuk membantu menentukan seberapa besar tekanan yang dapat ditoleransi oleh suatu populasi tanpa menimbulkan penurunan yang signifikan, 6) memantau efektivitas kebijakan dan tindakan konservasi untuk mengevaluasi apakah upaya konservasi berhasil atau tidak dan apakah strateginya perlu diubah, 7) mengantisipasi dampak perubahan iklim dan aktivitas manusia, sehingga dapat dibuat kebijakan adaptif untuk mitigasi risiko di masa depan (Fedorca *et al.*, 2024; Callaghan *et al.*, 2024)

Hingga saat ini, Indonesia secara teknis belum memiliki data raya (*big data*) keanekaragaman hayati yang terintegrasi secara komprehensif, sehingga data-data tersebut sulit dimanfaatkan secara optimal dan berdampak pada sulitnya menentukan kebijakan untuk upaya konservasi yang efektif dalam melindungi keanekaragaman hayati dari kepunahan. Secara garis besar terdapat tiga data raya yang dapat diintegrasikan yaitu 1) data inventarisasi dan verifikasi spesies serta lokasi di seluruh Indonesia berada di Kementerian Kehutanan; 2) data status keanekaragaman hayati, tren, dan dampak kegiatan Pembangunan terhadap biodiversitas di habitatnya berada di Konsorsium Biologi Indonesia (KOB); 3) data koleksi ilmiah dari berbagai spesies flora, fauna, dan mikrobiologi berada di Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN). Data lainnya juga tersebar dalam publikasi ilmiah. Berdasarkan hal tersebut, BRIN saat ini sedang berupaya mengembangkan sebuah portal sistem informasi Koleksi Biodiversitas Nasional yang direncanakan selesai pada akhir tahun 2025. Koleksi ilmiah ini akan dilengkapi dengan data spesies, status, lokasi habitat, dan gambar digital. Data ini rencananya akan diintegrasikan dengan data genetik dan publikasi ilmiah yang berhubungan dengan pemanfaatan koleksi, sehingga nantinya terdapat informasi yang komprehensif tentang spesies, populasi, keanekaragaman genetik, ekosistem, serta potensi pemanfaatannya. Meskipun masih banyak dijumpai kendala teknis terutama dalam hal koordinasi antara pemangku kepentingan, namun tersedianya data keanekaragaman hayati Indonesia secara komprehensif memberikan harapan tercapainya sinergi kebijakan perlindungan dan pemanfaatan sumber daya hayati yang berbasis ilmu pengetahuan untuk kesejahteraan generasi mendatang serta mendukung SDGs 16 dan 17.

Hadirin yang saya hormati,

Penutup

Genetika populasi memegang peran strategis dalam upaya perlindungan dan pemanfaatan sumber daya hayati secara berkelanjutan di Indonesia. Analisis terhadap keragaman dan struktur genetik populasi memungkinkan identifikasi unit konservasi esensial, deteksi

potensi *inbreeding*, serta pemetaan pola persebaran genetik yang relevan dalam perumusan strategi konservasi berbasis bukti. Selain itu, penerapan Genetika Populasi dalam konteks pemanfaatan spesies, baik yang bernilai ekonomi maupun ekologi mendukung praktik pengelolaan yang adaptif dan berkelanjutan. Pendekatan ini membantu menjaga produktivitas sekaligus mempertahankan integritas genetik dan fungsi ekosistem. Dalam lanskap biodiversitas tinggi seperti Indonesia, Genetika Populasi berfungsi sebagai alat ilmiah untuk menyeimbangkan kepentingan konservasi dan pemanfaatan. Penguatan kapasitas riset dan integrasi hasil kajian Genetika Populasi dalam kebijakan publik merupakan langkah strategis untuk memastikan keberlanjutan sumber daya hayati, sekaligus mendukung ketahanan ekologi, ekonomi, dan kesejahteraan masyarakat secara holistik.

Ucapan Terima Kasih

Hadirin yang saya hormati,

Hari ini adalah momentum yang lebih dari sekadar Seremonial Akademik. Ini adalah perjalanan panjang yang akhirnya sampai pada satu titik, di mana saya berdiri di sini, membawa bukan hanya nama saya sendiri, tetapi juga nama mereka yang telah menjadi bagian dari langkah-langkah saya. Setiap pencapaian memiliki cerita dan cerita saya bukanlah tentang saya seorang diri. Ini adalah tentang orang-orang yang telah menggenggam tangan saya di saat saya hampir terjatuh. tentang mereka yang doanya telah menjadi tiang penyangga ketika hati saya rapuh, dan tentang mereka yang mengajarkan saya bahwa ilmu bukan sekedar angka dan gelar, melainkan warisan yang harus diteruskan.

Maka dengan penuh rasa syukur, saya ingin menghaturkan terima kasih kepada Pemerintah Republik Indonesia melalui Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi yang telah memberikan amanah ini kepada saya sebagai Guru Besar dalam bidang Genetika Populasi di Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada. Saya juga menyampaikan penghormatan dan terima kasih kepada Rektor, Senat Akademik, dan Dewan Guru Besar Universitas Gadjah Mada, yang telah memproses dan menyetujui pengusulan saya sebagai Guru Besar.

Terima kasih saya haturkan juga Kepada Ketua Senat Fakultas Biologi UGM - Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc., Dekan Fakultas Biologi UGM - Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc., Kepala Departemen Biologi Tropika Fakultas Biologi UGM- Abdul Razaq Chasani, Ph.D. yang telah mendorong dan mendukung selama proses pengusulan saya sebagai Guru Besar. Juga kepada Tim SDM Universitas Gadjah Mada dan Fakultas Biologi UGM yang selalu membantu dengan penuh kesabaran dan ketulusan. Dukungan bapak dan ibu sekalian lebih dari sekedar formalitas akademik. Itu adalah energi yang menghidupkan perjalanan saya, yang mengingatkan bahwa saya tidak pernah berjalan sendirian.

Ucapan terima kasih yang setulusnya saya sampaikan kepada para guru saya mulai dari Pendidikan Dasar hingga Pendidikan Tinggi. Bapak dan ibu guru semua adalah cahaya yang tak pernah padam yang tidak sekedar mengajar pelajaran namun juga menyalakan obor semangat dan mendidik serta mengasah karakter saya. Jasa-jasa para guru saya, yang tidak dapat saya sebutkan satu per satu, akan selalu saya kenang dan teriring doa kepada ALLAH SWT untuk mengangkat mereka pada derajat tertinggi atas amal luar biasa yang mereka dedikasikan bagi dunia pendidikan.

Saya juga ingin menghaturkan rasa hormat dan terima kasih yang mendalam kepada para dosen yang membentuk perjalanan akademik saya, yaitu Alm. Prof. Dr. Agus Pudjoarinto, S.U., Dosen Pembimbing Akademik yang dengan kesabaran dan kebijaksanaan, membimbing dan mengarahkan saya melewati jalan yang tidak selalu mudah saat di jenjang sarjana, Prof. Dr. Sukarti Moeljopawiro, M.App.Sc., Dosen Pembimbing Seminar yang mengarahkan saya dalam melakukan penelitian, Alm.Ir. Suryo Sodo Adisewoyo, Dosen Pembimbing Skripsi saya. Beliau tidak hanya pembimbing, tapi beliau adalah kompas penunjuk arah yang melihat potensi di dalam diri saya, bahkan ketika saya sendiri belum mampu melihatnya. Dengan keyakinannya yang tulus, beliau membuka jalan bagi saya untuk mencintai Genetika Populasi, sebuah bidang yang kemudian menjadi panggilan jiwa saya. Selanjutnya Prof. Dr. Chris Austin, Pembimbing saya saat menempuh program Master of Science di Deakin University, Australia juga di program Doktor di Charles Darwin University, Australia. Meskipun jarak antara kelulusan S2 dan masuk ke program S3 terjeda 10 tahun, namun beliau masih bersedia untuk membimbing saya. Beliau bukan sekedar pembimbing S2 dan S3 saya namun juga mentor yang menjadi titik balik perjalanan saya, yaitu dengan meyakinkan saya tentang potensi diri dan belajar itu tiada usainya. Terima kasih Prof atas kesabaran yang lebih luas dari waktu dan untuk kehangatan seorang guru yang telah mengubah hidup saya. Ucapan terima kasih juga saya haturkan kepada Dr. Penny Wurm dan Dr. Michael Hammer, yang turut menjadi *co-supervisor* saya selama program Doktor, serta Dr. Paul McShane yang telah memberi kesempatan bagi saya untuk mengikuti training di Monash University melalui *Australian Award Fellowship*.

Untuk para senior saya di Fakultas Biologi UGM yang telah membuka jalan bagi saya untuk terus berkembang. Kepada Prof. Dr. Jusup Subagja, M.Sc., Dekan Fakultas Biologi UGM periode 1988-1994, yang menerima saya sebagai dosen dan memberikan dukungan penuh untuk studi lanjut. Kepada Dr. Siti Sumarmi (Dekan Fakultas Biologi UGM periode 2004-2008) dan alm. Dr. Retno Peni Sancayaningsih, M.Sc. (Dekan Fakultas Biologi UGM periode 2008-2012), yang telah memberi kepercayaan serta rekomendasi bagi saya untuk melanjutkan program Doktor, serta kepada Prof. Dr. Jesmandt Situmorang, M.Sc. dan Prof. Dr. Langkah Sembiring, M.Sc., yang telah memberikan bimbingan dan nasihat berharga selama saya menempuh pendidikan S3, dengan kerendahan hati saya ucapkan terima kasih.

Ucapan terima kasih saya haturkan pula kepada rekan-rekan kolega Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc., Prof. Dr. Niken Satuti Nur Handayani, M.Sc., Ganies Riza Aristya, Ph.D., Indra Lesmana, M.Sc., dan Muslifah Hasanah, A.Md. Kebersamaan dan kolaborasi yang kita bangun telah menjadi bagian dari perjalanan akademik saya yang sangat berharga. Demikian pula kepada seluruh civitas akademika Fakultas Biologi UGM, saya sangat menghargai kebersamaan dan dukungan yang selalu menguatkan. Terima kasih juga saya haturkan kepada para mahasiswa bimbingan saya. Kalian semua tak hanya saya bimbing, tetapi justru mengajari saya banyak hal. Ilmu pengetahuan selalu berkembang, dan saya bersyukur bisa terus belajar bersama kalian.

Tidak lupa saya haturkan terima kasih kepada Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc. dan Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc. atas kesediaannya mereview naskah pidato ini

Hadirin yang saya hormati,

Hari ini adalah momen yang tak sekadar seremonial. Ini adalah perjalanan yang bermuara pada sebuah perenungan tentang dari mana saya berasal, siapa yang telah berjalan bersama saya, dan kemana langkah ini harus terus diarahkan. Di momen penuh syukur ini, izinkan saya terlebih dahulu menundukkan hati, mengenang dan mengirinkan doa kepada dua insan yang menjadi akar kehidupan saya: almarhum Bapak Ilham Zainudin dan almarhumah Ibu Mudjiati Djamin. Mereka bukan hanya orang tua, tetapi cahaya yang menerangi jalan saya. Dari mereka, saya belajar arti keteguhan. Dari mereka, saya memahami bahwa hidup adalah perjalanan menanam kebaikan, meski mungkin tak sempat melihat hasilnya. Pesan mereka selalu terpatri dalam diri saya: "yang dimulai harus diselesaikan.". Kalimat itu bukan sekadar nasihat, melainkan amanah yang tertanam dalam setiap langkah saya, yang membawa saya sampai ke titik ini.

Kepada saudara-saudara saya tercinta Mohamad Priyambodo, S.T., Siti Nuryaningsih, S.T., dan Rahayuningtyas, S.E. serta adik-adik ipar saya, Drg. Istaning Wardani dan Jumadi Prasanto, A.Md dan kakak asuh saya Satuji Ivanto dan Siti Sutami Terima kasih telah menjadi sandaran di setiap persimpangan hidup. Kalian bukan hanya keluarga, tetapi juga teman seperjalanan yang tak pernah lelah menguatkan. Untuk keponakan-keponakan tersayang Nabilla, Faza, dan Yulia. Kalian adalah gambaran masa depan, matahari yang terus bersinar dalam keluarga ini. Semoga perjalanan ilmu yang saya tempuh ini juga bisa menjadi jejak bagi langkah-langkah kalian kelak.

Terima kasih kepada Farouk Radja'i dan keluarga, Meirza Reinaldy dan keluarga, serta Prof. Dr. Sarto dan Ibu Dra. Mulyati, M.Si. Dalam perjalanan ini, ada saat di mana langkah terasa berat, bahkan hampir terhenti. Namun, doa dan dukungan dari panjenengan semua adalah tiupan angin yang kembali menghidupkan layar kapal ini, memastikan bahwa saya tetap berlayar menuju tujuan yang lebih besar.

Dan kepada putri saya tercinta, Astri Puspita Pertiwi Setyadi. Anakku, kamu adalah alasan ibu terus berdiri tegak. Setiap rintangan, setiap pengorbanan, semuanya menjadi lebih ringan karena ibu tahu, ada mata yang selalu menatap penuh harap. Terima kasih telah menjadi kekuatan yang tak tergantikan. Cinta dan perjuanganmu telah menyempurnakan perjalanan ini. Hari ini, pencapaian ini bukan hanya milik ibu, tetapi juga milikmu juga nak.

Menjadi Guru Besar bukan sekadar pencapaian, tetapi amanah. Gelar ini bukan tentang nama yang tertulis lebih panjang, tetapi tentang tanggung jawab yang semakin besar. Ilmu bukan untuk dimiliki, melainkan untuk dibagikan. Cahaya yang kita genggam hari ini bukan untuk diri sendiri, tetapi untuk menerangi jalan bagi yang lain. Izinkan saya mengakhiri pidato ini dengan sebuah filosofi yang selalu saya pegang teguh: "Kehidupan adalah perjalanan kembali—kembali kepada ilmu, kembali kepada kebijaksanaan, dan pada akhirnya, kembali kepada Tuhan. Ilmu bukanlah sekadar apa yang kita ketahui, tetapi bagaimana kita memahami dan menghidupi kebenaran. Jika hidup adalah lautan, maka ilmu adalah cahaya yang menuntunkita pulang." Semoga cahaya ini terus menyala, tidak hanya dalam diri saya, tetapi dalam setiap jiwa yang merindukan kebenaran.

Akhirnya, kepada seluruh hadirin yang dengan sabar mengikuti pidato pengukuhan saya hari ini, saya mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya. Saya memohon maaf apabila dalam penyampaian pidato ini terdapat kekurangan dan kesalahan.

*Wabil Taufiq wal hidayah,
Wassalamu 'alaikum warahmatullahi wabarakatuh*

DAFTAR PUSTAKA

- Aara, A., Chappidi, V., Ramadas, M.N. 2020. Antioxidant activity of eugenol in *Piper betle* leaf extract. *Journal of Family Medicine and Primary Care* 9:327-331
- Adhikari, K., Bhandari, S., Niraula, D. 2020. Use of neem (*Azadirachta indica* A. Juss) as a biopesticide in agriculture: A review. *Journal of Agriculture and Applied Biology* 1 (2): 100-117
- Aji, K.W., Arisuryanti, T. 2021. Molecular Identification of Mudskipper Fish (*Periophthalmus* spp.) from Baros Beach, Bantul, Yogyakarta. *Journal Tropical Biology and Biotechnology* 6 (3): jtbb66391
- Arisuryanti, T. 2016. Molecular Genetic and Taxonomic Studies of the Swamp Eel (*Monopterus albus* Zuiew 1793). Ph.D. Thesis, Charles Darwin University, Australia.
- Arisuryanti, T., Wei, N.W.V., Austin, C. 2016. Molecular evidence for determination cryptic species of Indonesian swamp eel populations using denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). *AIP Conference Proceedings* 1744, 020060
- Arisuryanti, T. Hasan, R.L. & Koentjana, J.P. 2018. Genetic identification of two mudskipper species (Pisces: Gobiidae) from Bogowonto Lagoon (Yogyakarta, Indonesia) using *COI* mitochondrial gene as a DNA barcoding marker. *AIP Conference Proceedings*, 2002, 020068
- Arisuryanti, T., Pratama, G.A., Hakim, L., Koentjana, J.P., Nazira, F.K. 2019. Genetic Characterization of Kissing Gourami (*Helostoma temminckii* Cuvier, 1829) in Ogan River, South Sumatra Inferred from *16S* rRNA and *COI* Mitochondrial Genes. *Indonesian Fisheries Research Journal* 25 (1): 37-44
- Arisuryanti, T., Firdaus, N.U.N., Lukman, H. 2020. Genetic characterization of striped snakehead (*Channa striata* Bloch, 1793) from Arut River, Central Kalimantan inferred from *COI* mitochondrial gene. *AIP Conference Proceedings* 2260: 020001-1–020001-10
- Arisuryanti, T., Aji, K.W., Herawati, H., Sari, I.P., Rha'ifa, F.A., Febriyanti, D., Priyono, D.S. 2024. Cryptic Diversity of Barred Mudskippers, *Periophthalmus argentilineatus* (Valenciennes, 1837), from the Southern Coast of Java and East Lombok, Indonesia inferred by *COI* Mitochondrial Gene. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology* 9 (3): jtbb84328.
- Arzamasov, A.A., Vassilevski, A.A., Grishin, E.V. 2014. Chlorotoxin and Related Peptides: Short Insect Toxins from Scorpion Venom. *Russian Journal of Bioorganic Chemistry* 40 (4): 359-369.
- Atmaja, V.J., Hamidy, A., Arisuryanti, T., Matsui, M., Smith, E.N. 2018. A New Species of *Microhyla* (Anura: Microhylidae) From Sumatra, Indonesia. *Treubia* 45: 25–46
- Atmaja, V.Y., Eprilurahman, R., Munir, M., Smith, E.N., Arisuryanti, T., Ubaidillah, R., Hamidy, A. 2025. Unveiling Misidentification of Formerly Reported *Microhyla fissipes*

- Boulenger, 1884 (Anura: Microhylidae) with Notes on Two *Microhyla* Species from Sumatra. *TAPROBRANICA* 13 (2): 88-100
- Azizah, N., Abdullah, N. 2024. Upaya menjaga Raja Ampat sebagai Sustainable Tourism melalui Prinsip Sustainability dan Blue Economy. 2024. *ALADALAH Jurnal Politik, Sosial, Hukum dan Humaniora* 2 (1): 50-61
- Badotti, F., de Oliviera, F.S., Garcia, C.F., Vaz, A.B.M., Fonseca, P.L.C., Nahum, L.A., Oliveira, G., Goes-Neto, A. 2017. Effectiveness of ITS and sub-regions as DNA barcode markers for the identification of Basidiomycota (Fungi). *BMC Microbiology* 17: 1-12
- Bersabé, D., Caballero, A., Pérez-Figueroa, A., García-Dorado, A. 2016. On the consequences of purging and linkage on fitness and genetic diversity. *Genes Genomes Genetics (G3)* 6: 171-181
- Bubac, C.M. Johnson, A.C., Fox, J.A., Culliham, C.I. 2019. Conservation translocations and post-release monitoring: Identifying trends in failures, biases, and challenges from around the world. *Biological Conservation* 238: 108239
- Callaghan, C.T., Santini, L., Spake, R., Bowler, D.E. 2024. Population abundance estimates in conservation and biodiversity research. *Trends in Ecology and Evolution* 39 (6): 515-523
- Darajati, W., Pratiwi, S., Herwinda, S., Radiansyah, A.D., Nalang, V.S., Nooyanto, B., Rahajoe, J.S., Ubaidillah, R., Maryanto, I., Kurniawan, R., Prasetyo, T.A., Rahim, A., Jefferson, J., Hakim, F. 2016. Indonesian Biodiversity Strategy and Action Plan (IBSAP) 2015-2010. Kementerian Perencanaan Pembangunan Nasional (BAPPENAS) Republik Indonesia.
- Daryono, B.S. & Tammu, R.N. Cabai Katokkon. Gadjah Mada University Press, Yogyakarta.
- Daryono, B.S. & Perdamaian, A.B.I. Karakterisasi dan Keragaman Genetik Ayam Lokal Indonesia. Gadjah Mada University Press, Yogyakarta.
- Delva, E., Arisuryanti, T., Ilmi, M., 2022. Genetic Diversity of *Amylomyces rouxii* from Ragi tapai in Java Island Based on Ribosomal Regions ITS1/ITS2 and D1/D2. *Mycobiology* 50 (2): 132-141.
- Eprilurahman, R., Atmaja, V.Y., Hamidy, A., Arisuryanti, T., Ubaidillah, R. 2021a. The Oriental Tiny Frog of the Genus *Microhyla* Tschudi, 1839 (Amphibia: Anura: Microhylidae) Revealed across Geographical Barriers of the Wallace Line. *Journal Tropical Biodiversity and Biotechnology* 6 (2): jtbb64342.
- Eprilurahman, R., Garg, S., Atmaja, V.Y., Alhadi, F., Munir, M., Ubaidillah, R., Arisuryanti, T., Biju, S.D., Smith, E.N., Hamidy, A. 2021b. A tiny new species of *Microhyla* Tschudi, 1838 (Amphibia: Anura: Microhylidae) from Belitung Island and Southeastern Sumatra, Indonesia. *Zootaxa* 5027 (4): 451-488

Eprilurahman, R., Atmaja, V.Y., Munir, M., Ubaidillah, R., Arisuryanti, T., Smith, E.N., Hamidy, A. 2023. Phylogeny and taxonomic status evaluation of Dark-sided Narrow-mouthed Frog, *Microhyla heymonsi*, (Anura: Microhylidae) from Sumatra, Indonesia. *Biodiversitas* 24 (2): 1092-1103

Failisnur, F. Sofyan, S., Silfia, S., Marlusi, M. 2020. Analisis hasil pewarnaan benang sutera menggunakan ekstrak gambir dengan mordan CaO. *Jurnal Litbang Industri* 10 (1): 15-22

Febrianti, D., Aji, K.W., Priyono, D.S., Arisuryanti, T. 2023. Genetic Identification of Two Mudskipper Species (Oxudercidae: Periophthalmus) from Kulon Progo, Special Region of Yogyakarta, Indonesia. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology* 8 (2): jtbb78161.

Fedorca, A., Mergeay, J., Akinyele, A.O., Albayrak, T., Biebach, I., Brambilla, A., Burger, P.A., Buzan, E., Curik, I., Gargiulo, R., Godoy, J.A., González-Martínez, S.C., Grossen, C., Heuertz, M., Hoban, S., Howard-McCombe, J., Kachamakova, M., Klinga, P., Köppä, V., Neugebauer, E., Paz-Vinas, I., Pearman, P.B., Pérez-Sorribes, L., Rinkevich, B., Isa-Rita M. Russo, I-R.. M., Theraroz, A., Thomas, N.E., Westergren, M., Winter, S., Laikre, L., Kopatz, A. 2024. Dealing With the Complexity of Effective Population Size in Conservation Practice. *Evolutionary Applications* 17 (12): e70031

Fernando, S.S.S.T., Jayasooriya, R.G.P.T., Samarakoon, K.W., Wijegunawardana, N.D.A.D., Alahakoon, B.S. 2024. Citrus-Based Bio-Insect Repellents—A Review on Historical and Emerging Trends in Utilizing Phytochemicals of Citrus Plants. *Journal of Toxicology* 2024 (1): 6179226

Foster, Y., Dutoit, L., Grosser, S., Dussex, N., Foster, B.J., Dodds, K.G., Brauning, R., Van Stijn, T., Robertson, F., McEwan, J.C., Jacobs, J.M.E., Roberstson, B.C. 2021. Genomic signatures of inbreeding in a critically endangered parrot, the kākāpō. *Genes Genomes Genetics* (G3) 11 (11): jkab307

Genesiska, Susanto, B., Mulyono. 2020. Karakter Fenotip Tanaman Jagung (*Zea mays* L.) Lokal Varietas Pulut Sulawesi di Daerah Istimewa Yogyakarta. *Plantropica* 5 (1): 85-94

Grueber, C.E., Reid-Wainscoat, E.E., Fox, S., Belov, K., Shier, D.M., Hogg, C.J., Pemberton, D. 2017. Increasing generations in captivity is associated with increased vulnerability of Tasmanian devils to vehicle strike following release to the wild. *Scientific Reports*, 7: 2161

Gupta, H., Singh, P.P., Reddy, S.G.E. 2025. Exploring the chemical profiling and insecticidal properties of essential oils from fresh and discarded lemon peels, *Citrus limon* against pulse beetle. *International Biodeterioration & Biodegradation* 196: 105924

- Gusmiatun, Hanafi, A., Marlina, N. 2022. Periode Toleran pada Varietas Kedelai (*Glycine max* (L.) Merrill) dengan Tingkat Naungan yang Berbeda. *AgriTECH* 43 (3):269-277
- Hending, D. 2025. Cryptic species conservation: a review. *Biological Review* 100: 258-274
- Hidyarko, A. I. F., Gayatri, A. C., Rifa, V. A., Astuti, A., Kusumaningrum, L., Mau, Y. S., Rudiharto, H., & Setyawan, A. D. 2021. Reviews: Komodo National Park as a conservation area for the komodo species (*Varanus komodoensis*) and sustainable tourism (ecotourism). *International Journal of Tropical Drylands* 5(1): 27–41
- Hohenlohe, P.A., Funk, W.C., Rajora, O.P. 2020. Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology* 30 (91): 62-82
- Iweala, E.J., Uche, M.E., Dike, E.D., Etumnu, L.R., Dokunmu, T.M., Oluwapelumi, A.E., Okoro, B.C., Dania, O.E., Adebayo, A.H., Ugbogu, E.A. 2023. *Curcuma longa* (Turmeric): Ethnomedicinal uses, phytochemistry, pharmacological activities and toxicity profiles—A review. *Pharmacological research-Modern Chinese Medicine* 6: 100222
- Jabin, G., Sahajpal, V., Chandra, K., Thakur, M. 2020. DNA Forensics in Combating Illegal Wildlife Trade: Present, Past, and Future Perspectives. Pp. 399-403. In: Shrivastava, P., Dash, H.R., Lorente, J.A., Imam, J. (eds) *Forensic DNA Typing: Principles, Applications and Advancements*. Springer, Singapore.
- Junren, C., Xiaofang, X., Huiqiong, Z., Gangmin, L., Yanpeng, Y., Xiaoyu, C., Yuqing, G., yan, L., Yue, Z., Fu, P., Cheng, P. 2021. Pharmacological Activities and Mechanisms of Hirudin and Its Derivatives - A Review. *Frontier in Pharmacology* 12:660757
- Kasim, A., Permata, D.A., Malrianti, Y. 2020. Karakterisasi Damar dari Pesisir Selatan dan Aplikasinya untuk Pembuatan Pernis. *Jurnal Teknologi Pertanian Andalas* 24(2): 210-218
- Kistner, F., Tulwietzki, J., Slaney, L., Alibhai, S., Jewell, Z., Ramosaj, B., Pauly, M. 2024. Enhancing endangered species monitoring by lowering data entry requirements with imputation techniques as a preprocessing step for the footprint identification technology (FIT). *Ecological Informatics* 82: 102676
- Kumar, S., Kumar, R., Kumari, D.A., Panwar, A. 2021. Astaxanthin: A super antioxidant from microalgae and its therapeutic potential. *Journal of Basic Microbiology* 62 (9): 1064-1082.
- Lacy, R.C. 2000. Structure of the VORTEX simulation model for population viability analysis. *Ecological Bulletins* 48:191-203.

- Kumari, S., Annamareddy, S.H.K., Abanti, S., Rath, P.K. 2017. Physicochemical properties and characterization of chitosan synthesized from fish scales, crab and shrimp shells. *International Journal of Biological Macromolecules* 104: 1697-1705
- Lacy, R.C., and J.P. Pollak. 2025. Vortex: A stochastic simulation of the extinction process. Version 10.8.1. Chicago Zoological Society, Brookfield, Illinois, USA.
- Larasati, S.E., Aminun, N.F. 2023. Analisis Ekowisata di Kawasan Konservasi Perairan Raja Ampat: Daya Dukung dan Evaluasi Wisatawan dari Situs TripAdvisor. *Jurnal Nasional Pariwisata* 13 (2): 115-134
- Latuharhary, R.A. & Saputro, T.B. 2017. Respon Morfologi Tanaman Jagung (*Zea mays*) Varietas Bisma dan Srikandi Kuning pada Kondisi Cekaman Salinitas Tinggi. *Jurnal Sains dan Seni ITS* 6 (2): 2337-3520
- Lee, B.J. Weyers, M., Haynes, R.K., van Der Kooy, F. 2023. Discovery of artemisinin in *Artemisia annua*, its current production, and relevance to sub-Saharan Africa. *South African Journal of Botany* 153: 21-27
- Leung, K., Beukeboom, L.W., Zwaan, B.J. 2025. Inbreeding and Outbreeding Depression in Wild and Captive Insect Populations. *Annual Reviews of Entomology* 70: 271-292
- Lourenço-Lopes, C., Fraga-Corral, M. Jimenez-Lopez, C., Carpena, M., Pereira, A.G., García-Oliveira, P., Prieto, M.A., Simal-Gandara, J. 2021. Biological action mechanisms of fucoxanthin extracted from algae for application in food and cosmetic industries. *Trends in Food Science and Technology* 117: 163-181
- Ma, D., Armugam, A., Jeyaseelan, K. 2002. Cytotoxic potency of cardiotoxin from *Naja sputatrix*: development of a new cytolytic assay. *Biochemical Journal* 366: 35-43
- Mashhadi, N.S., Ghiasvand, R., Askari, G., Hariri, M., Darvishi, L., Mofid, M.R. 2013. Anti-oxidative and anti-inflammatory effects of ginger in health and physical activity: review of current evidence. *International Journal of Preventive Medicine* 4 (Suppl 1): S36-42
- Medhi, J. and Kalita, M.C. 2021. Astaxanthine: An algae-based natural compound with a potential role in human health-promoting effect: An updated comprehensive review. *Journal of Applied Biology and Biotechnology* 9 (1): 114-123
- Meng, L., Jiang, N., Yu, C., Li, S., Chun, Z., Zhu, X., Song, C., Xiao, Y., Hui, J., Qin, Y., Liu, Y. 2019. Bufadienolides from the skins of *Bufo melanostictus* and their cytotoxic activity. *Phytochemistry Letters* 31: 73-77
- Mursiti, S., Lestari, N.A., Febriana, Z., Rosanti, Y.M., Ningsih, T.W. 2019. The Activity of d-Limonene from Sweet Orange Peel (*Citrus sinensis* L.) Extract as a Natural Insecticide Controller of Bedbugs (*Cimex cimicidae*). *Oriental Journal of Chemistry* 35 (4): 1420-1425

- Myers, N. 1988. Threatened biotas: "Hotspots" in tropical forests. *Environmentalist* 8 (3): 187–208.
- Myers, N., Mittermeier, R.A., Mittermeier, C.G., da Fonseca, G.A.B., Kent, J. 2000. Biodiversity Hotspots for conservation priorities. *Nature* 403: 853–858
- Nasr, S., Borges, A., Sahyoun, C., Nasr, R., Roufayel, R., Legros, C., Sabatir, J-M., Fajloun, Z. 2023. Scorpion Venom as a Source of Antimicrobial Peptides: Overview of Biomolecule Separation, Analysis and Characterization Methods. *Antibiotics* 13: 1-23
- Nugraha, A.S., Firli, L.N., Rani, D.M., Hidayatiningsih, A., Lestari, N.D., Wongso, H., Tarman, K., Rahamewan, A.C., Manurung, J., Ariantari, N.P., Papu, A., Putra, M.Y., Pratama, A.N.W., Wessjohann, L., Keller, P.A. 2023. Indonesian Marine and Its Medical Contribution. *Natural Products and Bioprospecting* 13(8): 1-27
- Pramono, P., Arifah, F.H., Nugroho, A.E. 2019. Hepatoprotective Effects of *Curcuma xanthorrhiza* Robx. On Paracetamol-induced Liver Damage in Rats and Correlation with Their Chemical Compounds. *Thai Journal of Pharmaceutical Sciences* 42 (2): 188-195
- Pratiwi, N.D., Setiowati, A.D., Witasari, L.D. 2025. Encapsulation of albumin from snakehead fish (*Channa striata*) with porous starch from arrowroot (*Maranta arundinacea*). *Carbohydrate Polymer Technologies and Applications* 9: 100684
- Purwanto, H., Soesilohadi, R.C.H., Trianto, M. 2022. Stingless bees from meliponiculture in South Kalimantan, Indonesia. *Biodiversitas* 23 (3): 1254-1266
- Ralls, K., Ballou, J.D., Dudash, M.R., Eldridge, M.D.B., Fenster, C.B., Lacy, R.C., Sunnucks, P., Frankham, R. 2018. Call for a Paradigm Shift in the Genetic Management of Fragmented Populations. *Conservation Letters* 11 (2): 1-6
- Rha'ifa, F.A., Audrea, D.J., Hakim, L., Arisuryanti, T. 2022. DNA Barcode of Barred Mudskipper (*Periophthalmus argentilineatus* Valenciennes, 1837) from Tekolok Estuary (NTB, Indonesia) and Their Phylogenetic Relationship with other Indonesian Barred Mudskippers. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology* 6 (2): jtbb59702.
- Sabinhaliduna, E., Arisuryanti, T., Hamidy, A. 2022. The Discovery of *Chalcorana megalonesa* in Java and The Evaluation of Its Taxonomic Status. *TREUBIA (A Journal of Zoology of The Indo Australian Archipelago)* 43 (2): 97-114
- Sahashi, G. & Morita, K. 2022. Wild genes boost the survival of captive-bred individuals in the wild. *Frontier Ecology and Environment* 20 (4): 217-221
- Sahu, A., Kumar, N., Singh, C.P., Singh, M. 2023. Environmental DNA (eDNA): Powerful technique for biodiversity conservation. *Journal for Nature Conservation* 71: 126325

- Schultz, A.J., Strickland, K., Cristescu, R.H., Hanger, J., de Villiers, D., Frere, C.H. 2022. Testing the effectiveness of genetic monitoring using genetic non-invasive sampling. *Ecology and Evolution* 12: e8459
- Schenekar, T. & Weiss, S. 2017. Selection and genetic drift in captive versus wild populations: an assessment of neutral and adaptive (MHC-linked) genetic variation in wild and hatchery brown trout (*Salmo trutta*) populations. *Conservation Genetics* 18: 1011-1022
- Sebastian, A., Nugroho, I.C., Putra, H.S.D., Susanto, F.A., Wijayanti, P., Yamaguchi, N., Nuriningtyan, T.R., Purwestri, Y.A. 2022. Identification and characterization of drought-tolerant local pigmented rice from Indonesia. *Physiology And Molecular Biology of Plants* 28 (5): 1061-1075
- Setyasih, I., Helmy, M.W. 2021. Analisis Potensi Pulau Maratua Sebagai Destinasi Pariwisata Andalan Indonesia Timur. *Indonesian Journal of Tourism and Leisure* 2 (1): 14-25
- Shabrina, F.N., Wibowo, K., Arisuryanti, T. 2024. Cryptic diversity of mudskipper genus *Boleophthalmus* (Gobiiformes: Oxudercidae) from the north coast of East Java, Indonesia. *Biodiversitas* 25 (1): 412 – 420.
- Sixto-Berrocal, A.M., Vazquez-Aldana, M., Miranda-Castro, S.P., Martinez-Trujillo, M.A., Cruz-Diaz, M.R. 2023. Chitin/chitosan extraction from shrimp shell waste by a completely biotechnological process. *International Journal of Biological Macromolecules* 230: 123204
- Susilawati, Fauzi, A., Kusmana, C., Santoso, N. 2020. Strategi dan Kebijakan dalam Pengelolaan Wisata Konservasi Orangutan Sumatera (*Pongo abelii*) di Bukit Lawang Kabupaten Langkat Sumatera Utara. *Journal of Natural Resources and Environmental Management* 10 (1): 1-11
- Sulaiman, M.S., Razali, S.M., Edin, T. Mokhtar, N., Iling E. 2023. Rattan Industry: An Economic Study to Set up Raw Materials Processing, Fibre Sustainability, and Estimation on Furniture Products Development. *Borneo Journal of Sciences and Technology* 5 (1): 47-53
- Tammu, R.M., Nuriningtyas, T.R., Daryono, B.S. 2021. Colchicine effects on the ploidy level and morphological characters of Katokkon pepper (*Capsicum annum* L.) from North Toraja, Indonesia. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* 19: 1-8
- Telli, M. & Gurleyen, B. 2017. Genetic and morphological divergences between wild and captive-bred populations of *Salmo trutta abanticus*. *Aquaculture Research* 2017: 1-7
- Thakore, D., Srivastava, A.K. 2017. Production of biopesticide azadirachtin using plant cell and hairy root cultures. *Engineering in Life Sciences* 17 (9): 997-1005

- Tisnadjaya, D., Irawan, H., Ekawati, N. 2020. Potency of *Cinnamomum burmannii* as Antioxidant and α Glucosidase Inhibitor and Their Relation to Trans-Cinamaldehyde and Coumarin Contents. *Jurnal Fitofarmaka Indonesia* 7 (3): 20-25
- Triesty, I. & Mahfud. 2017. Ekstraksi minyak atsiri dari gaharu (*Aquilaria malaccensis*) dengan menggunakan metode *Microwave Hydrodistillation* dan *Soxhlet Extraction*. *Jurnal Teknik ITS* 6 (2): 2337-3539
- Usri, K. Karlina, E., Takarini, V. 2020. Potensi Damar Indonesia Sebagai Bahan Baku Material Kedokteran Gigi. *Jurnal Material Kedokteran Gigi* 9 (1): 1-5
- Waits, L.P. & Paetkau, D. 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: A review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management* 69(4): 1419-1433
- Wang, W., Lin, L., Ma, Y., Cui, Y., Zhang, Q., Yang, J., Zhou, Y., Cui, L., Liu, B., Su, C., Yu, M., Gao, Y., Gao, P., Du, Y., Zhou, Y., Kamili, E., Yang, S., Xu, Y. 2025. Distinguishing between wild-caught and captive-bred Common Pheasant using methylation rate of skeletal muscle DNA. *Avian Research* 16: 100234
- Yani, A & Rawiniwati, 2020. Studi Potensi Ubi-Ubian Spesifik Lokal dan Upaya Pengembangannya dalam Mendukung Kemandirian Pangan di Provinsi Bengkulu. *Agrosains* 22 (1): 45-51
- Ye, Q., Lin, R., Chen, Z., Li, J., Zheng, C. 2024. Isolation, Identification and Chemical Modification of Bufadienolides from *Bufo melanostictus* Schneider and Their Cytotoxic Activities against Prostate Cancer Cells. *Molecules* 29 (7): 1571
- Yudhistira, A., Arisuryanti, T. 2019. Preliminary findings of cryptic diversity of the giant tiger shrimp (*Penaeus monodon* Fabricius, 1798) in Indonesia inferred from *COI* mitochondrial DNA. *Genetika*, Vol 51, No.1, 251-260. 15 (1): 251-260
- Zhang, H., Li, S., Si, Y., Xu, H. 2021. Andrographolide and its derivatives: Current achievements and future perspectives. *European Journal of Medicinal Chemistry* 224: 113710
- Ziku, R. M. 2015. Partisipasi Masyarakat Desa Komodo dalam Pengembangan Ekowisata di Pulau Komodo. *JUMPA* 2(1): 1-21