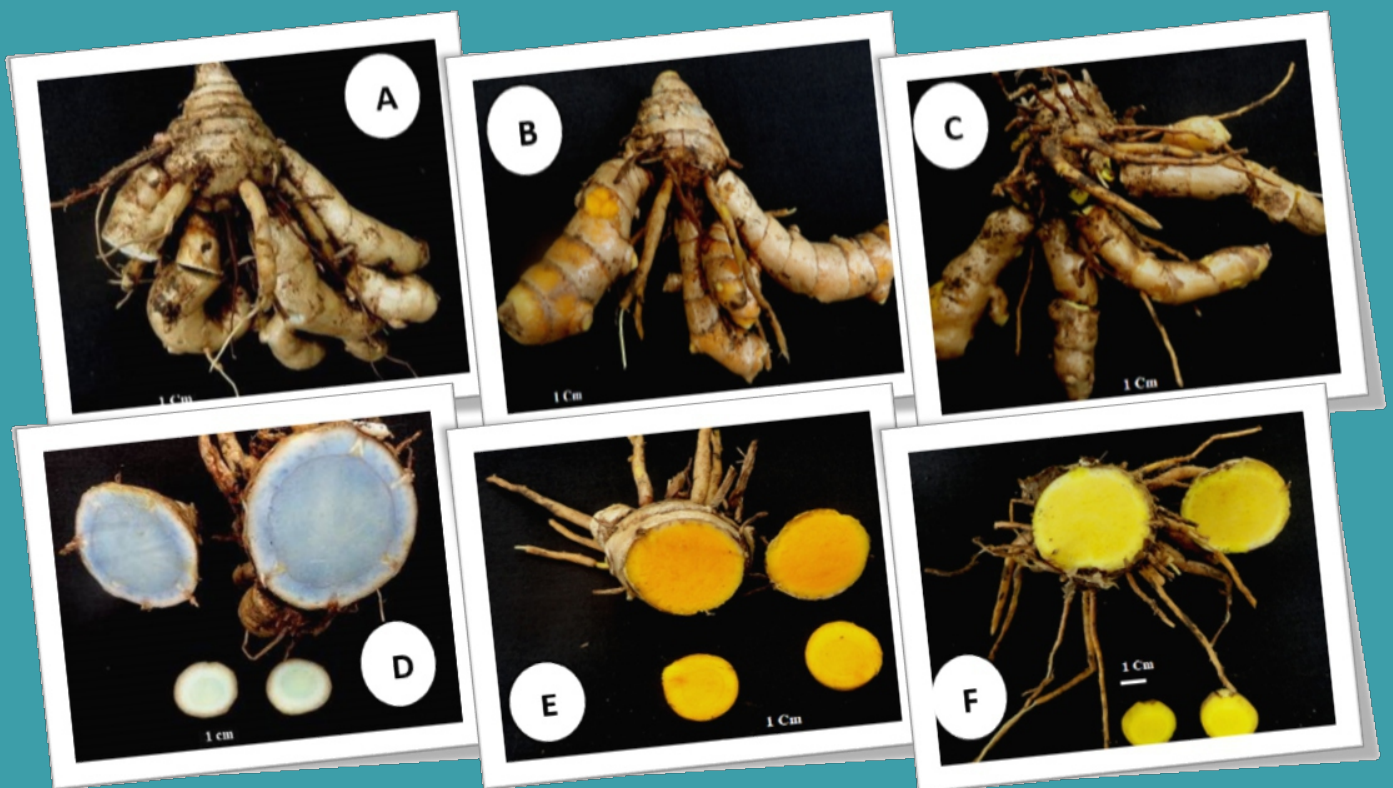


# Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati



# BERITA BIOLOGI

Vol. 17 No. 2 Agustus 2018

Terakreditasi Berdasarkan Keputusan Kepala Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia  
No. 21/E/KPT/2018, Tanggal 9 Juli 2018

---

## **Tim Redaksi (*Editorial Team*)**

Andria Agusta (Pemimpin Redaksi, *Editor in Chief*)  
(Kimia Bahan Alam, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Kusumadewi Sri Yulita (Redaksi Pelaksana, *Managing Editor*)  
(Sistematika Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Gono Semiadi  
(Mammalogi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Atit Kanti  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Siti Sundari  
(Ekologi Lingkungan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Evi Triana  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Kartika Dewi  
(Taksonomi Nematoda, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dwi Setyo Rini  
(Biologi Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

## **Desain dan Layout (*Design and Layout*)**

Muhamad Ruslan, Fahmi

## **Kesekretariatan (*Secretary*)**

Nira Ariasari, Enok, Budiarto, Liana

## **Alamat (*Address*)**

Pusat Penelitian Biologi-LIPI  
Kompleks Cibinong Science Center (CSC-LIPI)  
Jalan Raya Jakarta-Bogor KM 46,  
Cibinong 16911, Bogor-Indonesia  
Telepon (021) 8765066 - 8765067  
Faksimili (021) 8765059  
Email: [berita.biologi@mail.lipi.go.id](mailto:berita.biologi@mail.lipi.go.id)  
[jurnalberitabiologi@yahoo.co.id](mailto:jurnalberitabiologi@yahoo.co.id)  
[jurnalberitabiologi@gmail.com](mailto:jurnalberitabiologi@gmail.com)

---

Keterangan foto cover depan: Struktur Morfologi Rimpang. (A, D) *Curcuma aeruginosa*, (B, E) *C. longa*, dan (C, F) *C. heyneana*. (*Morphological structure of rhizome (A, D) Curcuma aeruginosa, (B, E) C. longa, dan (C, F) C. heyneana*) sesuai dengan halaman 123. (*as in page 123*).



**P-ISSN 0126-1754**  
**E-ISSN 2337-8751**  
**No. 21/E/KPT/2018, Tanggal 9 Juli 2018**  
Volume 17 Nomor 2, Agustus 2018

# **Berita Biologi**

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati

Berita Biologi	Vol. 17	No. 2	Hlm. 91 – 223	Bogor, Agustus 2018	ISSN 0126-1754
----------------	---------	-------	---------------	---------------------	----------------

**Pusat Penelitian Biologi - LIPI**

Ucapan terima kasih kepada  
Mitra Bebestari nomor ini  
17(2) – Agustus 2018

Prof. Dr. Ir. Yohanes Purwanto  
(Etnobotani, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Ir. Siti Susiarti  
(Etnobotani, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Sunaryo  
(Morfologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Andria Agusta  
(Kimia Bahan Alam, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Kusumadewi Sri Yulita  
(Sistematika Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Dwi Astuti  
(Genetika, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Mohammad Irham M.Sc  
(Ekologi & taksonomi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Amir Hamidy  
(Herpetologi, Pusat Penelitian Biologi LIPI)

Dr. Ir. Maya Melati, MS, MSc  
(Argonomi, Departemen Agronomi dan Hortikultura - IPB)

Dr. Yuyu Suryasari M.Sc.  
(Genetika, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Iman Hidayat  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dra. Djamhuriyah S. Said M.Si.  
(Limnologi, Pusat Penelitian Limnologi- LIPI)

Prof. Dr. I Made Sudiana, M.Sc.  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Ireng Darwati  
(Fisiologi tanaman, Balai Penelitian Rempah dan Obat - Badan Litbang Pertanian)

Ir. Yadi Suryadi, MSc.  
(Hama dan Penyakit Tanaman BB Biogen, Badan Litbang Pertanian)

Dr. Ir. Chaerani, MSc.  
(Hama dan Penyakit Tanaman, BB Biogen, Badan Litbang Pertanian)

Dr. Darkam Mussadad  
(Teknologi Pascapanen, Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Bengkulu)

Ir. Sulusi Prabawati, MS  
(Pascapanen, Pusat Penelitian dan Pengembangan Hortikultura– Badan Litbang Pertanian)

# BARKODING DNA BURUNG ELANG (FAMILI ACCIPITRIDAE) DI INDONESIA

[DNA Barcoding of the Eagles (Family Accipitridae) in Indonesia]

Moch Syamsul Arifin Zein

Bidang Zoologi, Pusat Penelitian Biologi-LIPI Cibinong Science Center, Gedung Widiasatwaloka,  
Jalan Raya Jakarta Bogor KM.46, Cibinong 16911  
email: zein\_genetic@yahoo.com

## ABSTRACT

The cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene is a representative of all the protein-coding genes of the mitochondrial DNA genome that has been widely used as an animal species identification tool. In this study, 86 sequences of DNA barcodes of members of the family Accipitridae in Indonesia including *Nisaetus bartelsi*, *Nisaetus cirrhatus*, *Haliaeetus leucogaster*, *Spilornis cheela*, *Haliastur indus*, and 11 sequences from Genbank were examined. Each species was confirmed through the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). The construction of phylogeny trees based on COI gene sequences was performed by the Neighbors-joining method where the calculation of the genetic distance matrix with the Kimura 2-parameter model was implemented in pairwise distance calculation in the Mega version 6.05 program. The results of the analysis showed that the divergence within species ranged from 0 to 0.3% ( $0.13 \pm 0.12\%$ ), between species ranged from 1.6 to 18.5% ( $12.8 \pm 3.73\%$ ), between genera ranged from 13 to 18.6%, and the average in the Accipitridae Family was 11.8%. Therefore, it could form clusters in each species cohesively and clearly separated between the taxa analyzed.

**Key words:** DNA Barcoding, cytochrome c oksidase subunit I (COI), accipitridae family.

## ABSTRAK

Gen *Cytochrome c oxidase subunit I* (COI) merupakan representatif dari semua gen penyandi protein dari genom DNA mitokondria yang telah digunakan secara luas sebagai alat identifikasi spesies hewan. Dalam studi ini 86 sekuen barkode DNA dari anggota famili Accipitridae, yaitu *Nisaetus bartelsi*, *Nisaetus cirrhatus*, *Haliaeetus leucogaster*, *Spilornis cheela*, dan *Haliastur Indus* dan 11 sekuen dari Genbank di analisa. Setiap spesies dilakukan konfirmasi melalui *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST). Konstruksi pohon filogeni Neighbour-Joining berdasarkan sekuen gen COI dimana kalkulasi matrik jarak genetik dengan model Kimura 2-parameter yang diimplementasikan pada *pairwise distance calculation* dalam program Mega versi 6,05. Hasil analisa menunjukkan divergensi dalam spesies berkisar antara 0–0,3% ( $0,13 \pm 0,12\%$ ), antar spesies berkisar antara 1,6–18,5% ( $12,8 \pm 3,73\%$ ), antar marga berkisar antara 13–18,6%, dan rata-rata dalam famili Accipitridae adalah 11,8%. Oleh karena itu pada famili Accipitridae di Indonesia dapat membentuk *cluster* pada setiap spesies secara kohesif dan jelas terpisah diantara taksa yang dianalisa.

**Kata kunci:** Barkoding DNA, sitokrom c oksidase subunit I (COI), famili accipitridae.

## PENDAHULUAN

DNA sebagai unit keturunan terkecil mempunyai sekuen spesifik untuk setiap spesies pada beberapa lokasi di dalam genom DNA inti atau mitokondria. DNA mitokondria memiliki beberapa region, tiga belas diantaranya merupakan gen yang mengkode protein. *Cytochrome c oxidase subunit 1* (COI) merupakan representatif dari gen protein DNA mitokondria yang digunakan sebagai DNA barkode. Diversitas sekuen gen COI efektif untuk identifikasi jenis dari beberapa grup fauna, sehingga diyakini bahwa COI memiliki potensi sebagai barkode DNA (Hebert *et al.*, 2003). Gen COI juga telah berhasil digunakan untuk mengurai evolusi spesies burung *neo tropic* yang mempunyai hubungan kekerabatan dekat di wilayah Amerika Utara (Kerr *et al.*, 2007) dan burung neo tropik (Kerr *et al.*, 2009). Pada awal kajian barkoding DNA pada burung di Atlantik Utara diketahui bahwa variasi

sekuen gen COI dalam spesies diketahui 20 kali lebih kecil dari variasi antar spesies, oleh sebab itu dapat memperlihatkan secara jelas *gap* antar spesies (Herbert *et al.*, 2004). Selain itu, kinerja barkode DNA juga diketahui sebagai alat verifikasi cepat taksonomi dalam melakukan evaluasi ekologis suatu kawasan (Borisenko *et al.*, 2008). Saat ini, wilayah sekitar 694 *bp* gen COI digunakan sebagai penanda genetik standard untuk identifikasi spesies hewan (Herbert *et al.*, 2003, 2004; Ward *et al.*, 2008). Oleh sebab itu data, barkode DNA semua kehidupan di muka bumi sangat diperlukan untuk dapat diakses oleh siapapun.

CBOL (*Consortium Barcoding Of Life*) (<http://barcoding.si.edu>) mempunyai proyek unggulan yang dinamai dengan *All Bird Barcoding Initiative* atau ABII (<http://www.barcodingbirds.org>) yang bertujuan untuk membentuk barkode DNA pada burung, yaitu setiap spesies burung di barkode

\*Diterima: 2 Mei 2017 - Diperbaiki: 19 Februari 2018 - Disetujui: 24 Juli 2018

dan dibutuhkan paling sedikit lima individu (<http://www.barcoding-birds.org/page/vision>). Pada tahun 2005, ABBI telah mengidentifikasi bahwa wilayah Indomalaya adalah prioritas tertinggi untuk dilakukan DNA barkoding pada burung, karena tingkat endemisme dan status 'endanger' burung rata-rata tinggi (Sodhi *et al.*, 2007).

Famili Accipitridae diketahui sebagai kelompok besar dari burung pemangsa dan sebagian besar berada di wilayah tropis termasuk Indomalaya. Hamerstrom (1986) menyatakan bahwa burung pemangsa umumnya berburu dengan melayang sampai mendeteksi mangsa dan turun diatas hewan buruannya. Saat ini keberadaan burung pemangsa terancam oleh kerusakan habitat, kontaminasi lingkungan, perburuan, dan gangguan langsung lainnya. Sebagai *top-predator* burung ini mempunyai peran penting dalam ekosistem sebagai pengendali konsumen tingkat pertama seperti ular, tikus, dan tupai. Selain itu sekitar 30% burung pemangsa tropis adalah endemik (Bildstein *et al.*, 1998). Oleh sebab itu peran satwa ini sangat penting dalam mempertahankan keseimbangan alam (Sozer *et al.*, 1999).

Secara taksonomi burung pemangsa terdiri dari dua ordo, yaitu Falconiformes dan Strigiformes. Kedua ordo ini sebenarnya memiliki kekerabatan yang jauh, tapi karena ekologi sama maka kedua ordo ini dikelompokkan menjadi satu sebagai burung pemangsa. Ordo Falconiformes yang aktif pada siang hari (*diurnal*) terdiri dari empat famili, yaitu Accipitridae (elang), Cathartidae (burung pemakan bangkai), Sagitariidae (burung *secretary*), dan Falconidae (alap-alap), sedangkan ordo Strigiformes yang aktif pada malam hari (*nocturnal*) terdiri dari dua famili yaitu Strigidae dan Tytonidae. Berdasarkan catatan taksonomi beberapa spesies elang dari genus *Spizaetus* yaitu *Spizaetus nanus*, *S. lanceolatus*, *S. philippensis*, *S. pinskeri*, *S. nipalensis*, *S. alboniger* and *S. bartelsi* (Sibley dan Monroe 1990) dan *S. cirrhatus* dan *S. floris* (Gjershaug *et al.*, 2004) telah ditransfer masuk ke dalam genus *Nisaetus* (Haring *et al.* (2007). Oleh sebab itu spesies elang dalam penelitian ini mengikuti tata nama yang baru.

Seperti diketahui bahwa barkoding DNA pada famili Accipitridae yang telah dilakukan antara lain

pada representatif Falconiformes (Accipitridae) di Afrika dan Eurasia (Bremner *et al.*, 2013) dan Accipitridae di Filipina (Ong *et al.*, 2011). Barkoding DNA famili Accipitridae pada penelitian ini dilakukan terhadap lima spesies yang dijumpai di Indonesia dengan tujuan mendapatkan barcode DNA dan gap antar spesies atau *cluster* antar taksa, yaitu *Nisaetus bartelsi* (Stresemann, 1924), *Haliaeetus leucogaster* (Gmelin, 1788), *Spilornis cheela* (Latham, 1790), *Nisaetus cirrhatus* (Gmelin, 1788), *Accipiter virgatus* (Temminck, 1822), dan *Haliastur indus* (Boddaert, 1783), serta beberapa data barcode DNA yang ada di *GenBank*.

#### BAHAN DAN CARA KERJA

Sebanyak 86 material DNA burung Elang berupa darah dan bulu dari famili Accipitridae digunakan dalam penelitian ini. Koleksi material DNA dilakukan pada periode tahun 2000-2015 dari berbagai lembaga konservasi, yaitu: Taman Margasatwa Ragunan, Kebun Binatang Semarang, Kebun Binatang Surabaya, Kebun Binatang Gembira Loka, Yogyakarta, Pusat Penyelamatan Satwa (PPS) Tegal Alur, Pusat Penyelamatan Satwa (PPS) Gadog, Taman Safari Indonesia, dan Pro Animalia Indonesia, serta pemberian dari berbagai pihak. Koleksi material DNA berupa darah diawetkan dengan menggunakan alkohol absolut (96%). Material DNA disimpan di Laboratorium Genetika Hewan, Pusat Penelitian Biologi-LIPI.

Ekstraksi dan purifikasi DNA dilakukan dengan metoda fenol-kloroform yang dikembangkan oleh Sambrook *et al.* (1989). Hasil ekstraksi berupa DNA total kemudian diamati secara kualitatif dengan proses elektroforesis pada gel agarose 1%, sedangkan pemeriksaan secara kuantitatif dilakukan dengan menggunakan mesin spektrofotometer DU 650 (Beckman). Hasil ekstraksi berkualitas baik digunakan untuk amplifikasi fragmen target dan disimpan di dalam freezer sebelum digunakan.

Amplifikasi fragmen dari gen *Cytochrome c oxidase subunit I* (COI) menggunakan *Thermal Cycler Applied Biosystems* (Type 2700). Amplifikasi fragmen dekat daerah akhir 5' dari gen COI DNA mitokondria (Hebert *et al.*, 2004) dengan menggunakan primer Bird.F1-5'TTC TCC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC.3" dan Bird.R1-

5'ACG TGG GAG ATA ATT CCA AAT CCT G.3'. Campuran reaksi PCR menggunakan *Fermentas Life Sciences* dengan volume 30 µl mengandung 20,9 µl air, 1 unit Taq polymerase, 1,8 µl MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 3 µl dari 10×buffer PCR (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 1 µl setiap primer (0,1 mM), 0,6 µl dNTP (10 mM), 0,5 µl BSA, dan 1,0 µl DNA. Kondisi PCR menurut Kerr *et al.* (2007) adalah denaturasi pada suhu 94 °C selama 1 menit diikuti oleh 6 siklus, denaturasi pada suhu 94 °C selama 1 menit, annealing pada 45 °C selama 1,5 menit, dan elongasi pada 72 °C selama 1,5 menit, kemudian diikuti oleh 35 siklus, yaitu denaturasi pada 94 °C selama 1 menit, annealing pada 56 °C selama 1,5 menit, dan elongasi pada 72 °C selama 1,5 menit, dan elongasi terakhir pada 72 °C selama 5 menit. Visualisasi produk PCR dilakukan dengan elektroforesis gel agarose 2% yang telah dicampur dengan *FloroSafe DNA Stain* 4-6 µl setiap 100 ml larutan agarose dalam 1% TBE. Elektroforesis dilakukan selama 30 menit dengan tegangan 100 volt. Jika amplifikasi gen COI berhasil dengan baik maka produk PCR diseku dengan menggunakan jasa layanan sekuen DNA di 1<sup>st</sup>BASE, Singapore.

**Analisis Sekuen**

Sebanyak 86 hasil sekuen fragmen gen COI dari burung elang famili Accipitridae terdiri lima spesies, yaitu *Nisaetus bartelsi* (18), *N. cirrhatus* (12), *Ha. leucogaster* (9), *S. cheela* (19), dan *H. indus* (28) serta 11 sekuen dari *GenBank* (kode akses: HM639912.1; HM639874.1; HM639873.1; HM639872.1; AP008239.1; HM639871.1; JN191388.1; HM639875.1; GQ481252.1;

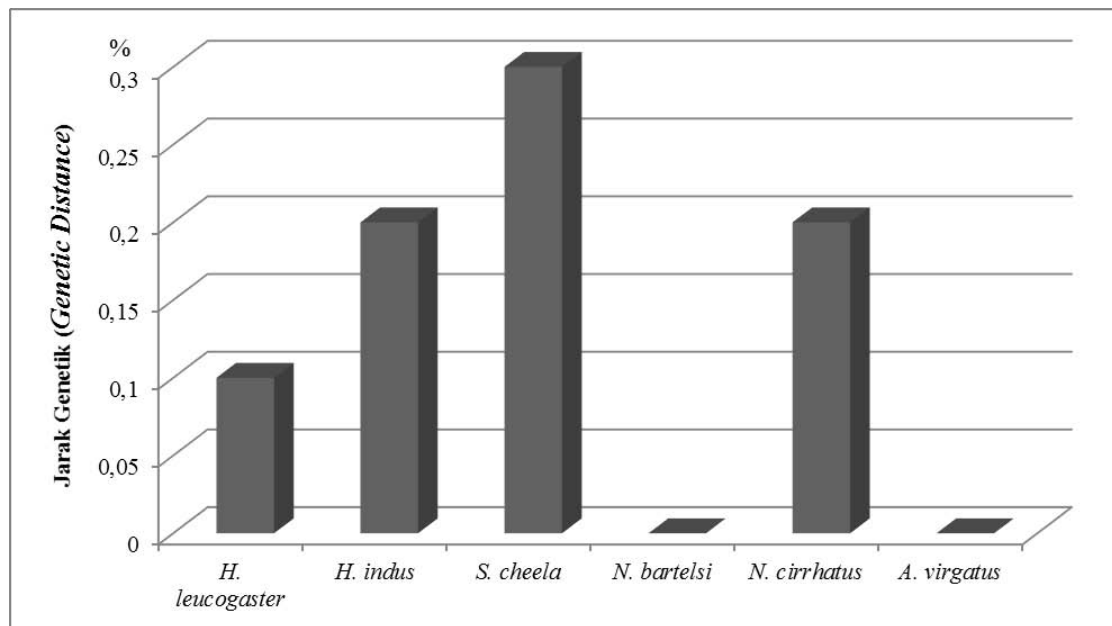
GQ481253.1; HM639876.1) digunakan dalam penelitian ini. Total terdapat 97 sekuen fragmen gen COI famili Accipitridae yang digunakan sedangkan sekuen gen COI dari spesies *Falco moluccensis* dan *Probosciger aterrimus* digunakan sebagai *outgroup*. Analisis filogenetik untuk melihat *cluster* antar spesies/taksa menggunakan *neighbor-joining* dimana kalkulasi matrik jarak genetik dengan model Kimura 2-parameter (K2P) yang diimplementasikan pada *pairwise distance calculation* dalam program *Mega (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)* versi 6.05 (Tamura *et al.*, 2013).

**HASIL**

Hasil penyelarasan 86 sekuen dari lima spesies famili Accipitridae dan 11 sekuen dari *GenBank* yang penyebarannya di Indonesia diketahui terdapat 209 situs polimorfik sepanjang 625 pb sekuen COI dari DNA mitokondria. Situs variasi tertinggi terdapat pada posisi kodon pertama yaitu 209/208. Rata-rata frekuensi basa dari data sekuen ini adalah T (Thymine)=24,5%, C (Cytosine)=34,5%, A (Adenine)=24,4%, dan G (Guanine)=16,5%, sedangkan pada kodon pertama frekuensi basa yaitu T=16,1%, C=27,5%, A=25,5%, G=5,31% didominasi oleh C; kodon kedua yaitu T=41,3%, C=29,3%, A=15,4%, dan G=13,9% didominasi oleh T; dan kodon ketiga yaitu T=16,2%, C=46,8%, A=32,4%, dan G=4,6% didominasi C. Bias terhadap G menjadi lebih jelas dalam posisi kodon ketiga, di mana frekuensi basa rata-rata untuk G turun menjadi 4,6%. Secara lebih jelas komposisi basa pada gen COI dari Famili Accipitridae dapat dilihat pada Tabel 1. Selain itu komposisi AT<GC yaitu 48,9%

**Tabel 1.** Rata-rata frekuensi basa pada gen COI, famili Accipitridae di Indonesia (*Average base frequencies of the mitochondrial DNA COI gene, family Accipitridae in Indonesia*)

Posisi Kodon (Codon Position)	Thyamine (T)	Cytosine (C)	Adenine (A)	Guanine (G)	Kandungan GC (GC content)	Total Basa (Total bases)
Pertama (First)	16,1	27,5	25,5	31	58,5	209
Kedua (Second)	41,3	29,3	15,4	13,9	43,,2	208
Ketiga (Third)	16,2	46,8	32,4	4,6	51,4	208
Semua posisi (All position)	24,5	34,5	24,4	16,5	51,1	625



**Gambar 1.** Jarak genetik dalam spesies (*Genetic distance within species*)

dan 51,1%. Ratio transisi/transversi adalah  $k_1=6,82$  (*purines*) dan  $k_2=17,295$  (*pyrimidines*), sedangkan bias transisi/transversi secara keseluruhan adalah  $R=7,192$ .

Jarak genetik dalam spesies berkisar antara 0–0,3% dan rata-rata  $0,13\pm 0,12\%$ , yaitu pada *Ha. leucogaster* (0,1%), *H. indus* (0,2%), *S. cheela* (0,3%), *N. bartelsi* (0,0%), *N. cirrhatus* (0,2%), dan *A. virgatus* (0%) (Gambar 1), sedangkan diversitas nukleotida gen COI sepanjang 625 pb pada masing-masing spesies dari *Ha. leucogaster*, *H. indus*, *S. cheela*, *N. bartelsi*, dan *N. cirrhatus* berturut turut sebagai berikut 0,0064, 0,2, 0, 0,0032, dan 0,008. Jarak genetik antar spesies berkisar antara 1,6–18,5% dengan rata-rata  $12,8\pm 3,73\%$ . Jarak genetik dalam marga pada *Haliaeetus* (0,1%), *Haliastur* (0,2%), *Spilornis* (0,3%), *Nisaetus* (4,7%), dan *Accipiter* (0), sedangkan antar marga berkisar antara 13–18,6%. Rata-rata jarak genetik dalam famili Accipitridae adalah 11,8%, sedangkan jarak genetik antar spesies dan marga secara lengkap dapat dilihat pada Tabel 2 dan 3.

Hasil analisa menunjukkan dengan jarak genetik dalam dan antar spesies seperti data diatas, maka

*gap/cluster* antar spesies/taksa terlihat jelas dan kohesif pada konstruksi pohon filogeni di antara spesies yang dianalisa. Famili Accipitridae pada hasil kajian ini menunjukkan nilai *bootstrap* tinggi, yaitu 98% terhadap *outgroup* dari spesies *F. moluccensis* dan *P. aterrimus*. Selain itu, pohon filogeni didukung nilai *bootstrap* yang tinggi berkisar antara 99–100% (1000 replikasi *bootstrap*), secara lengkap dapat dilihat pada Gambar 2.

Berdasarkan sekuen barkode DNA gen COI DNA mitokondria diketahui pada spesies *Nisaetus bartelsi* terdapat tiga haplotipe, *Nisaetus cirrhatus* empat haplotipe, *Spilornis cheela* satu haplotipe, *Ha. leucogaster* dua haplotipe, dan *H. indus* terdapat tiga haplotipe. Selain itu diketahui sekuen barkode DNA spesies *Nisaetus bartelsi* belum tersedia di *GenBank*. Hasil BLAST *N. cirrhatus* terdeteksi spesies terdekat adalah *N. philippensis* (kode akses HM639912.1) dengan tingkat similaritas 96% dan nilai *bootstrap* 98%. Hasil BLAST pada spesies *S. cheela*, *Ha. leucogaster*, dan *H. indus* telah terdeteksi ada di *GenBank* dengan tingkat similaritas berturut turut 98%/99/100%, dan 98/99/100%. Hasil BLAST selengkapnya dapat dilihat pada Tabel 3.



**Tabel 2.** Jarak Genetik antar spesies (*Genetic distance between species*)

Nama spesies ( <i>Species name</i> )	Jarak genetik antar spesies ( <i>Genetic distance between species</i> )						
	1	2	3	4	5	6	7
1. <i>Nisaetus alboniger</i>							
2. <i>Nisaetus bartelsi</i>	<b>0,016</b>						
3. <i>Haliaeetus leucogaster</i>	0,165	0,167					
4. <i>Haliastur indus</i>	0,147	0,144	0,127				
5. <i>Spilornis cheela</i>	0,136	0,132	<b>0,185</b>	0,163			
6. <i>Nisaetus cirrhatus</i>	0,088	0,088	0,166	0,140	0,126		
7. <i>Nisaetus philippensis</i>	0,094	0,094	0,155	0,130	0,126	0,035	
8. <i>Accipiter virgatus</i>	0,132	0,132	0,146	0,129	0,165	0,136	0,120

**Tabel 3.** Jarak genetik antar marga (*Genetic distance between genera*)

Nama Marga ( <i>Genus Name</i> )	Jarak genetik antar marga ( <i>Genetic distance between genus</i> )			
	1	2	3	4
1. <i>Haliaeetus</i>				
2. <i>Haliastur</i>	<b>0,130</b>			
3. <i>Spilornis</i>	<b>0,186</b>	0,164		
4. <i>Nisaetus</i>	0,169	0,143	0,133	
5. <i>Accipiter</i>	0,148	0,132	0,170	0,138

## PEMBAHASAN

Frekuensi basa rata-rata fragmen CO1 dari famili Accipitridae yang ada di Indonesia tercermin bias kuat terhadap G (*Guanine*), terutama untuk posisi kodon ketiga di mana frekuensi basa rata-rata untuk G turun menjadi 4,6%. Hal ini juga terjadi pada taksa vertebrata lain seperti pada kasus burung famili Accitripidae di Filipina dimana frekuensi G turun ke 2,5% pada kodon ketiga, sedangkan frekuensi basa lain adalah 44,8% (C), 35,0% (A), dan 17,7% (T) (Ong *et al.*, 2011). Selain itu juga terjadi pada beberapa burung dari genus *Macgregoria* (Cracraft dan Feinstein, 2000). Penjelasan mengenai hal ini karena pemilihan terhadap nukleotida *Guanine* (G) kurang stabil ditemukan di *light strand* ketika terjadi sebagai *single strand* untuk periode waktu panjang selama DNA mitochondrila mengalami replikasi (Clayton, 1982).

Selain itu komposisi AT<GC yaitu 48,9 dan 51,1 menunjukkan hasil relatif seimbang, hasil ini

sesuai dengan penelitian Muto dan Osawa (1987). Lebih lanjut juga dikatakan pada umumnya kandungan GC pada vertebrata berkisar antara 40–45% (Sueoka, 1962). Ratio transisi/tranversi adalah  $k_1=6,82$  (*purines*) dan  $k_2 =17,295$  (*pyrimidines*), sedangkan bias transisi/transversi secara keseluruhan adalah  $R=7,192$ . Berarti kejadian substitusi transversi sekitar tujuh kali lebih banyak dari terjadinya substitusi transisi.

Jarak genetik dalam spesies dari famili burung elang di Indonesia rendah dengan kisaran 0–0,3% dan rata-rata sekitar  $0,13\pm 0,12$ , sedangkan divergensi antar spesies tinggi yaitu berkisar antara 1,6–18,5% dengan rata-rata  $12,8\pm 3,73\%$ . Divergensi antar spesies rendah terdeteksi antara *N. bartelsi* dan *N. alboniger* (1,6%) dan yang terjauh antara *S. cheela* dan *Ha. leucogaster* (18,5%). Pada penelitian ini juga diketahui jarak genetik antar marga berkisar antara 13–18,6% dan rata-rata divergensi genetik dalam famili Accipitridae adalah 11,8%. Jarak yang terdekat

**Tabel 3.** Hasil *BLAST* dari *GenBank* menunjukkan spesies yang mempunyai similaritas terdekat berdasarkan gen COI (*BLAST results showing the GenBank species that have the closest similarities based on the COI gene*)

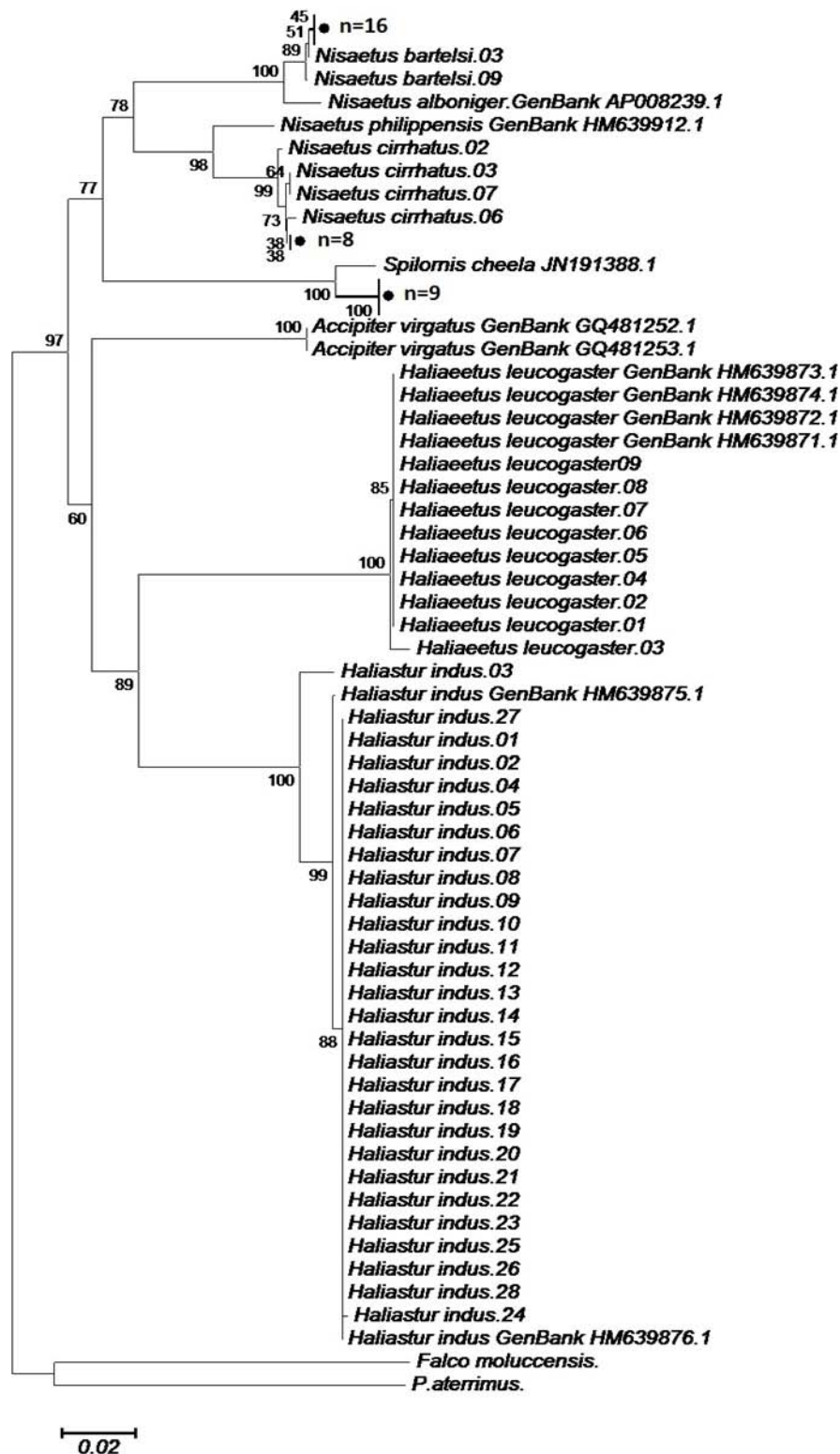
Spesies (Species)	Frekuensi (Frequency)	Hasil <i>BLAST</i> ( <i>BLAST results</i> )			
		Similaritas Terdekat (Similarity Nearest)	Kode Akses (Access Code)	Kesamaan (Similarity) (%)	Perbedaan (Difference) (Nukleotida)
<i>N. bartelsi</i> haplotipe 1	16	<i>N. alboniger</i>	AP008239.1	98	11/625
<i>N. bartelsi</i> haplotipe 2	1	<i>N. alboniger</i>	AP008239.1	98	11/625
<i>N. bartelsi</i> haplotipe 3	1	<i>N. alboniger</i>	AP008239.1	98	9/625
<i>N. cirrhatus</i> haplotipe 1	1	<i>N. philippensis</i>	HM639912.1	96	23/625
<i>N. cirrhatus</i> haplotipe 2	2	<i>N. philippensis</i>	HM639912.1	97	20/625
<i>N. cirrhatus</i> haplotipe 3	1	<i>N. philippensis</i>	HM639912.1	97	21/625
<i>N. cirrhatus</i> haplotipe 4	8	<i>N. philippensis</i>	HM639912.1	97	20/625
<i>S. cheela</i>	19	<i>S. cheela</i>	JN191388.1	98	4/625
<i>Ha. leucogaster</i> haplotipe 1	1	<i>Ha. leucogaster</i>	HM639872.1	99	2/625
<i>Ha. leucogaster</i> haplotipe 2	12	<i>Ha. leucogaster</i>	HM639872.1	100	0/625
<i>H. indus</i> haplotipe 1	1	<i>H. indus</i>	HM639875.1	98	6/625
<i>H. indus</i> haplotipe 2	28	<i>H. indus</i>	HM639875.1	99	2/625
<i>H. indus</i> haplotipe 2	28	<i>H. indus</i>	HM639876.1	100	0/625

antara marga *Haliastur* dan *Haliaeetus* (13%), sedangkan terjauh antara genus *Spilornis* dan *Haliaeetus* (18,6%). Oleh karena itu dapat membentuk *cluster* antar taksa atau gap antar spesies secara jelas dan kohesif diantara taksa dari famili Accipritidae yang dianalisa.

Seperti diketahui efektifitas gen COI sebagai barkode DNA disebabkan oleh variasi dalam spesies rendah dan antar spesies tinggi terutama pada taksa yang berdekatan (Ward *et al.*, 2005; Hajbabai *et al.*, 2006). Hal ini juga dikatakan oleh Herbert *et al.* (2004b) bahwa pada burung dan hewan pada umumnya variasi antar spesies sekitar 10 kali lebih besar dari rata-rata dalam spesies, sedangkan pada penelitian ini perbandingan sekitar 98 kali. Hal ini disebabkan analisa dilakukan terbatas hanya pada lima spesies pada satu famili. Sebagai pembanding hasil penelitian famili Accipritidae di Filipina menunjukkan divergensi dalam spesies rata rata pada kisaran 0,66% (Ong *et al.*, 2011), jarak genetik dalam marga (6,60%), dan

dalam famili (11%). Secara umum dapat dikatakan pada kisaran relatif sama dengan Accipritidae di Indonesia. Hasil penelitian dalam spesies dan antar spesies Accipritidae di Afrika dan Eurasia diketahui berkisar antara 2,8–3% dan 3,9–5,3% (Bremen *et al.*, 2013). Hal ini menunjukkan kisaran jarak genetik dalam spesies di Afrika dan Eurasia jauh lebih tinggi dari yang ada di Indonesia atau Filipina. Hal ini dimungkinkan karena spesies yang dianalisa mempunyai sebaran luas.

Hasil kajian barcode DNA pada berbagai kelompok burung lain menunjukkan jarak genetik tidak jauh berbeda, yaitu burung kakatua menunjukkan jarak genetik dalam dan antar spesies berkisar 0,25±0,055% dan 3,1–11,6% (Zein *et al.*, 2017), 0,0–0,26% dan 2,99–10,2% (Astuti dan Sulandari, 2010). Jarak genetik burung secara umum di Korea rata-rata 0,3% dan 7,9% (Yoo *et al.*, 2006), sedangkan di Belanda 0,29% dan 9,54% (Aliabadian *et al.*, 2013). Hasil kajian barkode DNA pada burung di Skandinavia juga dilaporkan



**Gambar 2.** Pohon filogenetik *neighbor joining* dengan Kimura 2-Parameter pada lima spesies burung elang berdasarkan gen COI DNA mitokondria. (*Phylogenetic tree of neighbor joining with Kimura 2-Parameter in five species of eagles based on COI gene of mitochondrial DNA*)

sangat efektif menggunakan sekuen gen COI DNA mitokondria (Johnsen *et al.*, 2010). Gen COI juga telah dibuktikan memiliki resolusi dan tampilan tinggi pada pengujian terhadap burung di wilayah Amerika Utara dimana variasi dalam spesies diketahui 20 kali lebih kecil dari variasi antar spesies sehingga dapat membentuk *gap* yang jelas (Hebert *et al.*, 2004; Kevin *et al.*, 2007). Penelitian sebelumnya telah dilaporkan adanya *gap* barcode pada burung dengan ambang batas sebesar 2,4-2,7% dengan K2P dan tingkat keberhasilan identifikasi >94% sehingga potensial sebagai jenis yang berbeda (Herbert *et al.*, 2004).

Haplotipe yang terdeteksi berkisar antara 1-4 haplotipe, dimana *N. bartelsi* (Elang Jawa) yang berstatus kritis (*Critical Endangered Javan Eagle*) masih mempunyai tiga haplotipe, namun jarak genetik dalam spesies rendah (0%). Hal ini terlihat jelas pada diversitas nukleotida rendah (0,0032). Pada *N. cirrhatus* mempunyai empat haplotipe (terbanyak) dan jarak genetik dalam spesies 0,2%, serta diversitas nukleotida lebih tinggi (0,0769). Pada *Spilornis cheela* terdapat satu haplotipe (0%) dari sembilan sampel yang dianalisa, namun jika dibanding dengan data sekuen *S. cheela* dari *GenBank* dengan kode akses JN191388.1 mempunyai kesamaan 98%. Selain itu hasil perbandingan ini terdapat 4 situs polimorfik sepanjang 625 pasang basa gen COI yang dianalisa.

Hasil BLAST sekuen DNA dari gen COI spesies *Nisaetus bartelsi* terdeteksi spesies terdekat adalah *N. alboniger* (kode akses AP008239.1) dengan tingkat similaritas 98%, dan nilai *bootstrap* 100%. Seperti diketahui *N. alboniger* merupakan burung elang yang mempunyai distribusi di Sumatera, Kalimantan, dan semenanjung Malayah. Secara genetik *N. bartelsi* dan *N. alboniger* merupakan *sister species* dengan jarak genetik 1,6%.

Hasil pemeriksaan satu ekor burung Elang Jawa dewasa dan lima ekor yang belum dewasa di Museum Zoologi Bogor menunjukkan bahwa ukuran tubuh Elang Jawa *N. bartelsi* lebih besar dari *N. alboniger*. Selain itu di *cluster* antar taksa terlihat *N. cirrhatus* dan *N. philipensis* juga diketahui sebagai *sister species* dengan jarak

genetik 3,5%. Secara keseluruhan empat spesies ini masuk dalam *cluster* yang berdekatan. Studi sebelumnya dari kelompok hewan yang beragam menunjukkan bahwa jarak minimum untuk *sister species* umumnya lebih dari 2% (Hebert *et al.*, 2004a; Johns dan Avise 1998; Klicka dan Zink, 1997; Ward *et al.*, 2005). Dengan demikian sekuen dari fragmen gen COI dapat memisahkan sebagian besar spesies burung dengan jelas, termasuk *Accipiter virgatus*/(*GenBank*), *Ha. leucogaster*, dan *H. indus*. Selain itu antara *Ha. leucogaster* dan *H. indus* mempunyai divergensi antar spesies lebih besar (12,7%) karena berbeda marga.

## KESIMPULAN

Studi tentang DNA barcoding burung elang (famili Acciptridae) ini merupakan hasil penelitian yang dilaporkan pertama kali di Indonesia. Dari 86 sampel yang dianalisis terdiri dari lima spesies, yaitu *Nisaetus bartelsi*, *Nisaetus cirrhatus*, Elang *Haliaeetus leucogaster*, *Spilornis cheela*, dan *Haliastur Indus*. Hasil BLAST sekuen gen COI maka diketahui Elang Jawa (*Nisaetus bartelsi*) belum ada di *GenBank*. Oleh sebab itu tiga haplotipe Elang Jawa akan submit di *GenBank* atau *BOLD System*.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada semua lembaga konservasi dan Lembaga Swadaya Masyarakat yang telah membantu koleksi material DNA. Saya ucapkan terima kasih pada Almarhumah Dr. Sri Sulandari yang pertama kali mempunyai gagasan pada penelitian. Selain itu juga pada Inda Natalia dan Anik Bhudi Dharmayanthi anggota Laboratorium Genetika Hewan, Pusat Penelitian Biologi-LIPI

## DAFTAR PUSTAKA

- Aliabadian, M., Beentjes, K.K., Roselaar, C.S.K., Brandwijk, H.V. Nijman, V. and Vong, R., 2013. DNA barcoding Birds of Dutch. *Zoo Keys*, 365, pp. 25-48.
- All Bird Barcoding Initiative (ABII) (<http://www.barcodingbirds.org>) (accessed 28 April 2017).
- Bildstein, K.L., Schelsky, W., Zalles, J. and Ellis S., 1998. Conservation status of tropical raptors. *Journal Raptor Resources*, 32(1), pp. 3-18.
- Borisenko, A.V., Lim, B.K., Ivanova, N.V., Hanner, R.H. and Herbert, PDN., 2008. DNA barcoding in surveys of small mammal communities: A field study in Suriname.

- Molecular Ecology Resources*, 8, pp. 471–479.
- Breman, F.C., Jordaens, K., Sonet, G., Nagy, Z.T., Houdt J.V. and Louette, M., 2013. DNA barcoding and evolutionary relationships in *Accipiter* Brisson, 1760 (Aves, Falconiformes:Accipitridae) with a focus on African and Eurasian representatives. *Journal Ornithology*, 154, pp. 261–287.
- CBOL (Consortium Barcoding Of Life) (<http://barcoding.si.edu>) (accessed 28 April 2017).
- Clayton, D.A., 1982. Replication of animal mitochondrial DNA. *Cell*, 28, pp. 693–705.
- Consortium for the Barcode of Life (CBOL), <http://barcoding.si.edu>. (accessed 28 April 2017).
- Cracraft J. and Feinstein, J., 2000. What is not a bird of paradise? Molecular and morphological evidence places *Macgregoria* in the Meliphagidae and the Cnemophilinae near the base of the corvid tree. *Proceeding Royal Society London*, 267, pp. 233–241.
- Astuti, D. and Sulandari, S., 2010. The DNA sequence performance of COI gene in white cockatoos (Cacatua, Psittaciformes). *Treubia*, 37, pp. 1–14.
- Gjershaug, J.O., Kvaløy, K., Røv, N., Prawiradilaga, D.M., Suparman, U. and Rahman, Z., 2004. The taxonomic status of Flores Hawk Eagle *Spizaetus floris*. *FORKTAIL*, 20, pp. 55–62.
- Hamerstrom, F., 1986. Harrier, hawk of the marshes: The hawk that is ruled by a mouse. *Smithsonian Institution Press*, Washington, DC, USA.
- Hajibabaei, M., Janzen, D.H., Burns, J.M., Hallwachs, W., and Hebert, P.D.N., 2006. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceeding Natural Academy Sciences*. USA 103, pp. 968–971.
- Hartl, D.L. and Clark, A.G., 1989. *Principles of Population Genetics*, 2nd ed. Sinauer Associates, Massachusetts.
- Haring, E., Kvaløy, K., Gjershaug, J.-O., Røv, N. and Gamauf, A., 2007. Convergent evolution and parphyly of the hawk-eagle of the genus *Spizaetus* (Aves, Accipitridae) phylogenetic analyses based on mitochondrial markers. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 45, pp. 353–365.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., and deWaard, J.R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceeding of the Royal Society London*. 270, pp. 313–321.
- Hebert, P.D.N., Stoeckle, M.Y., Zemlak, T.S. and Francis, C.M., 2004a. Identification of birds through DNA barcodes. *PLOS Biology* 2, e312.
- Hebert, P.D.N., Penton, E.H., Burns, J.M., Janzen, D.H., and Hallwachs, W., 2004b. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrartes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101, pp. 14812–14817.
- Johnsen, A., Rindal, E., Ericson, P. G. P., Zuccon, D., Kerr, K.C.R., Stoeckle, M.Y. and Liffeld, J.T., 2010. DNA barcoding of Scandinavian birds reveals divergent lineages in trans-Atlantic species. *Journal of Ornithology*, 151, pp. 565–578.
- Kerr K.C.R., Stoeckle, M.Y., Dove, C.J., Wight, L.A., Francis, C.M. and Hebert P.D.M., 2007. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Note*, 7, pp. 535–543.
- Kerr, K.C.R., Birks S.M., Kalyakin M.V., Red'kin Y.A, Koblik E.A and Hebert P.D.N., 2009. Filling the gap COI barcode resolution in eastern Palearctic birds. *Frontiers in Zoology*, 6, pp. 29.
- Klicka, J. and Zink, R.M., 1997. The importance of recent ice ages in speciation: A failed paradigm. *Science*, 277, pp. 1666–1669.
- Muto, A. and Ozawa, S., 1987. The guanine and cytosine content of genomic DNA and bacterial evolution. *Proceeding. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 84, pp. 116–119.
- Nucleotide basic local alignment search tool (nucleotide BLAST), <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (accessed 28 April 2017).
- Ong, P.S., Luczon, A.U., Quilang, J.P., Sumaya, A.M.T., Ibanez, J.C., Salvador, D.J. and Fontanilla, I.K.C., 2011. DNA barcoding, DNA barcode of Philippine accipitride. *Molecular Ecology Resources*, 11, pp. 245–254.
- Sambrook J., Fritsch E.F. and Maniatis T., 1989. *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*. 2<sup>nd</sup> Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Sibley C.G. and Monroe, B.L. Jr., 1990. *Distribution and Taxonomy of Birds of the World*. Yale Univ. Press, London, V.K. New Haven, cr USA.
- Sodhi N.S., Astuti D., Diesmos A.C., 2007. Barcoding Indo-Malayan birds. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 55, pp. 397–398.
- Sozer, R., Nijman V. dan Setiawan, I., 1999. *Panduan Identifikasi Elang Jawa (Spizaetus bartelsi)*. Biodiversity Conservation Project (LIPI-JICA-PKA). Bogor. pp. 48.
- Sueoko, N., 1962. On the genetic basis of variation and heterogeneity of DNA base composition. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 48, pp. 582–592.
- Tamura, K., Stecher G., Peterson D., Filipski A. and Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30, pp. 2725–2729.
- Ward, R.D., Zemlak, T.S., Innes, B.H., Last, P.R., Hebert, P.D., 2005. Barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Science*. 360, pp. 1847–1857.
- Yoo, H.S., Eah J.Y., Kim J.S., Kim Y.J., Min, M.S., Paek, W.K., Lee, H. and Kim, C.B., 2006. DNA barcoding Korean birds. *Molecules and Cell*, 22(3), pp. 323–327.
- Zein, M.S.A., Haryoko, T., Fitriana, Y.S., Sulistyadi, T. and Prawiradilaga, D.M., 2017. Aplikasi kajian DNA molekuler dan fenotipik pada program pelepasliaran burung kakatua. *Jurnal Biologi Indonesia*, 13(1), pp. 157–169.

# Pedoman Penulisan Naskah Berita Biologi

**Berita Biologi** adalah jurnal yang menerbitkan artikel kemajuan penelitian di bidang biologi dan ilmu-ilmu terkait di Indonesia. Berita Biologi memuat karya tulis ilmiah asli berupa makalah hasil penelitian, komunikasi pendek dan tinjauan kembali yang belum pernah diterbitkan atau tidak sedang dikirim ke media lain. Masalah yang diliput harus menampilkan aspek atau informasi baru.

## Tipe naskah

### 1. Makalah lengkap hasil penelitian (*original paper*)

Naskah merupakan hasil penelitian sendiri yang mengangkat topik yang *up to date*, tidak lebih dari 15 halaman termasuk tabel dan gambar. Pencantuman lampiran seperlunya, namun redaksi berhak mengurangi atau meniadakan lampiran.

### 2. Komunikasi pendek (*short communication*)

Komunikasi pendek merupakan makalah hasil penelitian yang ingin dipublikasikan secara cepat karena hasil temuan yang menarik, spesifik dan baru, agar dapat segera diketahui oleh umum. Artikel yang ditulis tidak lebih dari 10 halaman. Hasil dan pembahasan boleh digabung.

### 3. Tinjauan kembali (*review*)

Tinjauan kembali merupakan rangkuman tinjauan ilmiah yang sistematis-kritis secara ringkas namun mendalam terhadap topik penelitian tertentu. Hal yang ditinjau meliputi segala sesuatu yang relevan terhadap topik tinjauan yang memberikan gambaran '*state of the art*', meliputi temuan awal, kemajuan hingga issue terkini, termasuk perdebatan dan kesenjangan yang ada dalam topik yang dibahas. Tinjauan ulang ini harus merangkum minimal 30 artikel.

## Struktur naskah

### 1. Bahasa

Bahasa yang digunakan adalah Bahasa Indonesia atau Inggris yang baik dan benar.

### 2. Judul

Judul diberikan dalam bahasa Indonesia dan Inggris. Judul harus singkat, jelas dan mencerminkan isi naskah dengan diikuti oleh nama serta alamat surat menyurat penulis dan alamat email. Nama penulis untuk korespondensi diberi tanda amplop cetak atas (*superscript*).

### 3. Abstrak

Abstrak dibuat dalam dua bahasa, bahasa Indonesia dan Inggris. Abstrak memuat secara singkat tentang latar belakang, tujuan, metode, hasil yang signifikan, kesimpulan dan implikasi hasil penelitian. Abstrak berisi maksimum 200 kata, spasi tunggal. Di bawah abstrak dicantumkan kata kunci yang terdiri atas maksimum enam kata, dimana kata pertama adalah yang terpenting. Abstrak dalam Bahasa Inggris merupakan terjemahan dari Bahasa Indonesia. Editor berhak untuk mengedit abstrak demi alasan kejelasan isi abstrak.

### 4. Pendahuluan

Pendahuluan berisi latar belakang, permasalahan dan tujuan penelitian. Perlu disebutkan juga studi terdahulu yang pernah dilakukan terkait dengan penelitian yang dilakukan.

### 5. Bahan dan cara kerja

Bahan dan cara kerja berisi informasi mengenai metoda yang digunakan dalam penelitian. Pada bagian ini boleh dibuat sub-judul yang sesuai dengan tahapan penelitian. Metoda harus dipaparkan dengan jelas sesuai dengan standar topik penelitian dan dapat diulang oleh peneliti lain. Apabila metoda yang digunakan adalah metoda yang sudah baku cukup ditulis sitasinya dan apabila ada modifikasi maka harus dituliskan dengan jelas bagian mana dan hal apa yang dimodifikasi.

### 6. Hasil

Hasil memuat data ataupun informasi utama yang diperoleh berdasarkan metoda yang digunakan. Apabila ingin mengacu pada suatu tabel/grafik/diagram atau gambar, maka hasil yang terdapat pada bagian tersebut dapat diuraikan dengan jelas dengan tidak menggunakan kalimat 'Lihat Tabel 1'. Apabila menggunakan nilai rata-rata maka harus menyertakan pula standar deviasinya.

### 7. Pembahasan

Pembahasan bukan merupakan pengulangan dari hasil. Pembahasan mengungkap alasan didapatkannya hasil dan arti atau makna dari hasil yang didapat tersebut. Bila memungkinkan, hasil penelitian ini dapat dibandingkan dengan studi terdahulu.

### 8. Kesimpulan

Kesimpulan berisi informasi yang menyimpulkan hasil penelitian, sesuai dengan tujuan penelitian, dan penelitian berikutnya yang bisa dilakukan.

### 9. Ucapan terima kasih

Bagian ini berisi ucapan terima kasih kepada suatu instansi jika penelitian ini didanai atau didukung oleh instansi tersebut, ataupun kepada pihak yang membantu langsung penelitian atau penulisan artikel ini.

### 10. Daftar pustaka

Pada bagian ini, tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses *peer review*. Apabila harus menyitir dari "laporan" atau "komunikasi personal" dituliskan '*unpublished*' dan tidak perlu ditampilkan di daftar pustaka. Daftar pustaka harus berisi informasi yang *up to date* yang sebagian besar berasal dari *original papers* dan penulisan terbitan berkala ilmiah (nama jurnal) tidak disingkat.

## Format naskah

- Naskah diketik dengan menggunakan program Microsoft Word, huruf New Times Roman ukuran 12, spasi ganda kecuali Abstrak. Batas kiri-kanan atas-bawah masing-masing 2,5 cm. Maksimum isi naskah 15 halaman termasuk ilustrasi dan tabel.
- Penulisan bilangan pecahan dengan koma mengikuti bahasa yang ditulis menggunakan dua angka desimal di belakang koma. Apabila menggunakan Bahasa Indonesia, angka desimal ditulis dengan menggunakan koma (,) dan ditulis dengan menggunakan titik (.) bila menggunakan bahasa Inggris. Contoh: Panjang buku adalah 2,5 cm. Length of the book is 2.5 cm. Penulisan angka 1-9 ditulis dalam kata kecuali bila bilangan satuan ukur, sedangkan angka 10 dan seterusnya ditulis dengan angka. Contoh lima orang siswa, panjang buku 5 cm.
- Penulisan satuan mengikuti aturan international system of units.
- Nama takson dan kategori taksonomi ditulis dengan merujuk kepada aturan standar yang diakui. Untuk tumbuhan menggunakan *International Code of Botanical Nomenclature* (ICBN), untuk hewan menggunakan *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), untuk jamur *International Code of Nomenclature for Algae, Fungi and Plant* (ICFAFP), *International Code of Nomenclature of Bacteria* (ICNB), dan untuk organisme yang lain merujuk pada kesepakatan Internasional. Penulisan nama takson lengkap dengan nama author hanya dilakukan pada bagian deskripsi takson, misalnya pada naskah taksonomi. Penulisan nama takson untuk bidang lainnya tidak perlu menggunakan nama author.
- Tata nama di bidang genetika dan kimia merujuk kepada aturan baku terbaru yang berlaku.
- Ilustrasi dapat berupa foto (hitam putih atau berwarna) atau gambar tangan (*line drawing*).
- Tabel  
Tabel diberi judul yang singkat dan jelas, spasi tunggal dalam bahasa Indonesia dan Inggris, sehingga Tabel dapat berdiri sendiri. Tabel diberi nomor urut sesuai dengan keterangan dalam teks. Keterangan Tabel diletakkan di bawah Tabel. Tabel tidak dibuat tertutup dengan garis vertikal, hanya menggunakan garis horisontal yang memisahkan judul dan batas bawah. Paragraf pada isi tabel dibuat satu spasi.
- Gambar  
Gambar bisa berupa foto, grafik, diagram dan peta. Judul gambar ditulis secara singkat dan jelas, spasi tunggal. Keterangan yang menyertai gambar harus dapat berdiri sendiri, ditulis dalam bahasa Indonesia dan Inggris. Gambar dikirim dalam bentuk .jpeg dengan resolusi minimal 300 dpi, untuk *line drawing* minimal 600dpi.

9. Daftar Pustaka

Sitasi dalam naskah adalah nama penulis dan tahun. Bila penulis lebih dari satu menggunakan kata 'dan' atau et al. Contoh: (Kramer, 1983), (Hamzah dan Yusuf, 1995), (Premachandra *et al.*, 1992). Bila naskah ditulis dalam bahasa Inggris yang menggunakan sitasi 2 orang penulis maka digunakan kata 'and'. Contoh: (Hamzah and Yusuf, 1995). Penulisan daftar pustaka, sebagai berikut:

a. **Jurnal**

Nama jurnal ditulis lengkap.

Agusta, A., Maehara, S., Ohashi, K., Simanjuntak, P. and Shibuya, H., 2005. Stereoselective oxidation at C-4 of flavans by the endophytic fungus *Diaporthe* sp. isolated from a tea plant. *Chemical and Pharmaceutical Bulletin*, 53(12), pp.1565-1569.

b. **Buku**

Merna, T. and Al-Thani, F.F., 2008. *Corporate Risk Management*. 2nd ed. John Welly and Sons Ltd. England.

c. **Prosiding atau hasil Simposium/Seminar/Lokakarya.**

Fidiana, F., Triyuwono, I. and Riduwan, A., 2012. Zakah Perspectives as a Symbol of Individual and Social Piety: Developing Review of the Meadian Symbolic Interactionism. *Global Conference on Business and Finance Proceedings. The Institute of Business and Finance Research*, 7(1), pp. 721 - 742

d. **Makalah sebagai bagian dari buku**

Barth, M.E., 2004. Fair Values and Financial Statement Volatility. Dalam: Borio, C., Hunter, W.C., Kaufman, G.G., and Tsatsaronis, K. (eds.) *The Market Discipline Across Countries and Industries*. MIT Press. Cambridge.

e. **Thesis, skripsi dan disertasi**

Williams, J.W., 2002. Playing the Corporate Shell Game: The Forensic Accounting and Investigation Industry, Law, and the Management of Organizational Appearance. *Dissertation*. Graduate Programme in Sociology. York University. Toronto. Ontario.

f. **Artikel online.**

Artikel yang diunduh secara online ditulis dengan mengikuti format yang berlaku untuk jurnal, buku ataupun thesis dengan dilengkapi alamat situs dan waktu mengunduh. Tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses peer review misalnya laporan perjalanan maupun artikel dari laman web yang tidak bisa dipertanggung jawabkan kebenarannya seperti wikipedia.

Himman, L.M., 2002. A Moral Change: Business Ethics After Enron. San Diego University Publication. <http://ethics.sandiego.edu/LMH/oped/Enron/index.asp>. (accessed 27 Januari 2008) bila naskah ditulis dalam bahasa inggris atau (diakses 27 Januari 2008) bila naskah ditulis dalam bahasa indonesia

**Formulir persetujuan hak alih terbit dan keaslian naskah**

Setiap penulis yang mengajukan naskahnya ke redaksi Berita Biologi akan diminta untuk menandatangani lembar persetujuan yang berisi hak alih terbit naskah termasuk hak untuk memperbanyak artikel dalam berbagai bentuk kepada penerbit Berita Biologi. Sedangkan penulis tetap berhak untuk menyebarkan edisi cetak dan elektronik untuk kepentingan penelitian dan pendidikan. Formulir itu juga berisi pernyataan keaslian naskah yang menyebutkan bahwa naskah adalah hasil penelitian asli, belum pernah dan tidak sedang diterbitkan di tempat lain.

**Penelitian yang melibatkan hewan**

Setiap naskah yang penelitiannya melibatkan hewan (terutama mamalia) sebagai obyek percobaan / penelitian, wajib menyertakan 'ethical clearance approval' terkait animal welfare yang dikeluarkan oleh badan atau pihak berwenang. Penelitian yang menggunakan mikroorganisme sebagai obyek percobaan, mikroorganisme yang digunakan wajib disimpan di koleksi kultur mikroorganisme dan mencantumkan nomor koleksi kultur pada makalah.

**Lembar ilustrasi sampul**

Gambar ilustrasi yang terdapat di sampul jurnal Berita Biologi berasal dari salah satu naskah yang dipublikasi pada edisi tersebut. Oleh karena itu, setiap naskah yang ada ilustrasinya diharapkan dapat mengirimkan ilustrasi atau foto dengan kualitas gambar yang baik dengan disertai keterangan singkat ilustrasi atau foto dan nama pembuat ilustrasi atau pembuat foto.

**Proofs**

Naskah *proofs* akan dikirim ke penulis dan penulis diwajibkan untuk membaca dan memeriksa kembali isi naskah dengan teliti. Naskah *proofs* harus dikirim kembali ke redaksi dalam waktu tiga hari kerja.

**Naskah cetak**

Setiap penulis yang naskahnya diterbitkan akan diberikan 1 eksemplar majalah Berita Biologi dan *reprint*. Majalah tersebut akan dikirimkan kepada *corresponding author*

**Pengiriman naskah**

Naskah dikirim secara online ke website berita biologi: [http://e-journal.biologi.lipi.go.id/index.php/berita\\_biologi](http://e-journal.biologi.lipi.go.id/index.php/berita_biologi)

**Alamat kontak**

Redaksi Jurnal Berita Biologi, Pusat Penelitian Biologi-LIPI  
Cibinong Science Centre, Jl. Raya Bogor Km. 46 Cibinong 16911  
Telp: +61-21-8765067, Fax: +62-21-87907612, 8765063, 8765066,  
Email: [berita.biologi@mail.lipi.go.id](mailto:berita.biologi@mail.lipi.go.id), [jurnalberitabiologi@yahoo.co.id](mailto:jurnalberitabiologi@yahoo.co.id) atau  
[jurnalberitabiologi@gmail.com](mailto:jurnalberitabiologi@gmail.com)

# BERITA BIOLOGI

Vol. 17 (2)

Isi (*Content*)

Agustus 2018

P-ISSN 0126-1754

E-ISSN 2337-8751

## TINJAUAN ULANG (REVIEW)

- Pichia pastoris*: SEL RAGI UNTUK PRODUKSI PROTEIN REKOMBINAN [*Pichia pastoris*: Cell Yeast for Production of Recombinant Proteins]  
Neng Herawati, Arizah Kusumawati dan Adi Santoso ..... 91 – 102

## MAKALAH HASIL RISET (ORIGINAL PAPERS)

- PAKET PEMUPUKAN WORTEL PADA TANAH LEMPUNG LIAT BERPASIR DATARAN RENDAH DI PALANGKA RAYA - KALIMANTAN TENGAH [The Fertilizer Packages of Carrots in Sandy Clay Loam of Lowland Areas Palangka Raya of Central Kalimantan]  
M. Anang Firmansyah, Wiwik Rahayu dan Twenty Liana ..... 103 – 114
- KERAGAMAN GENETIK ALANG-ALANG (*Imperata cylindrica* (L.) Beauv.) BERDASARKAN MARKA INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEATS (ISSR) [Genetic Diversity of Alang-alang (*Imperata cylindrica* (L.) Beauv.) Based on Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) Markers]  
Dyah Subositi dan Harto Widodo ..... 115 – 122
- MORFOLOGI, ANATOMI DAN UJI HISTOKIMIA RIMPANG *Curcuma aeruginosa* Roxb; *Curcuma longa* L. DAN *Curcuma heyneana* Valetton dan Zijp. [Morphology, Anatomical and Histochemical Rhizome of *Curcuma aeruginosa* Roxb; *Curcuma longa* L. and *Curcuma heyneana* Valetton and Zijp.]  
Trimanto, Dini Dwiyaniti dan Serafinah Indriyani ..... 123 – 133
- KERAGAMAN BEBERAPA TUMBUHAN CIPLUKAN (*Physalis* spp.) DI LERENG GUNUNG KELUD, JAWA TIMUR [Diversity of Ciplukan (*Physalis* spp.) on the Gradient of Mt. Kelud, East Java]  
Nugraheni Hadiyanti, Supriyadi dan Pardono ..... 135 – 146
- PERTUMBUHAN DAN PRODUKSI TEBU (*Saccharum officinarum*; Poaceae) PADA BERBAGAI PAKET PEMUPUKAN DI LAHAN KERING BERPASIR [Sugarcane (*Saccharum officinarum*; Poaceae) Growth and Production on Several Fertilizer Packages in Sandy Upland]  
Supriyadi, Nunik Eka Diana dan Djumali ..... 147 – 156
- PROFITABILITAS DAN KERAGAAN PERTUMBUHAN BENIH IKAN *Tor tambroides* DENGAN FREKUENSI PEMBERIAN PAKAN YANG BERBEDA [Profitability and Growth Performance of *Tor tambroides* with Different Feeding Frequency]  
Jojo Subagja dan Deni Radona ..... 157 – 164
- BARKODING DNA BURUNG ELANG (FAMILI ACCIPITRIDAE) DI INDONESIA [DNA Barcoding of the Eagles (Family Accipitridae) in Indonesia]  
Moch Syamsul Arifin Zein ..... 165 – 173
- STUDI ETNOBOTANI JENIS REMPAH YANG DIGUNAKAN DALAM BUMBU MASAKAN TRADISIONAL ADAT DI KERAJAAN ROKAN KABUPATEN ROKAN HULU, RIAU [The Ethnobotanical Study of Spices on Traditional Food at Rokan Palace, Rokan Hulu Riau]  
Melly Tribudiarti, Nurainas dan Syamsuardi ..... 175 – 182
- KARAKTERISASI KERAGAMAN GENETIK 27 GENOTIPE CABAI BERDASARKAN MARKA SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) [Genetic Diversity Characterization of 27 Chili Pepper Genotypes Based on SSR (Simple Sequence Repeat) Markers]  
Rerenstradika Tizar Terryana, Kristianto Nugroho, Habib Rijzaani dan Puji Lestari ..... 183 – 194
- HUBUNGAN PANJANG DAN BERAT, FAKTOR KONDISI, FEKUNDITAS, DAN PERKEMBANGAN TELUR IKAN TENGADAK (*Barbonymus schwanenfeldii*) DARI SAROLANGUN, JAMBI DAN ANJONGAN, KALIMANTAN BARAT, INDONESIA [The Length and Weight Relationship, Factor Conditions, Fecundity and Egg Development of Tinfoil Barb (*Barbonymus schwanenfeldii*) from Sarolangun, Jambi and Anjongan, West Kalimantan, Indonesia]  
Irin Iriana Kusmini, Jojo Subagja dan Fera Permata Putri ..... 195 – 203
- FISILOGI PERTUMBUHAN, POTENSI AKTIFITAS PRODUKSI N<sub>2</sub>O DAN GEN FUNGSIONAL PENYANDINYA PADA BEBERAPA ISOLAT BAKTERI DENITRIFIKASI [Physiological Growth, Potential Activity of N<sub>2</sub>O Production and Their Functional Gen of Some Isolat of Denitrifying Bacteria]  
Dwi Agustiyani, Nur Laili dan Sarjiya Antonius ..... 205 – 214

## KOMUNIKASI PENDEK (SHORT COMMUNICATION)

- HUBUNGAN KARAKTER FENOTIPIK DAN HASIL BIJI PLASMA NUTFAH KACANG TUNGGAK [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] MENURUT ANALISIS LINTASAN [The Relationships between Phenotypic Characters and Seed Yield of Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Germplasm Using Path Analysis]  
Mastur, Mamik Setyowati, dan Dwi N. Susilowati ..... 215 – 221

CORRIGENDUM ..... 223