

**INTEGRASI PENDEKATAN MORFOLOGI
DAN MOLEKULER DNA
(*DEOXYRIBONUCLEIC ACID*) DALAM
TAKSONOMI**

Prof. Dr. Siti Zubaidah, S.Pd., M.Pd.

**Pidato Pengukuhan Guru Besar
dalam Bidang Ilmu Genetika
pada Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan
Alam
Disampaikan pada Sidang Terbuka Senat
Universitas Negeri Malang
Tanggal 8 Juni 2011**

KEMENTERIAN PENDIDIKAN NASIONAL

UNIVERSITAS NEGERI MALANG

JUNI 2011

INTEGRASI PENDEKATAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER DNA (*DEOXYRIBONUCLEIC ACID*) DALAM TAKSONOMI

Assalamu'alaikum Warahmatullahi Wabarakatuh

Yang saya hormati,

- Rektor Universitas Negeri Malang selaku Ketua Senat Universitas Negeri Malang,
- Ketua dan Sekretaris Komisi Guru Besar Universitas Negeri Malang,
- Para Anggota Senat Universitas Negeri Malang,
- Para Pejabat Struktural Universitas Negeri Malang,
- Para Sejawat Dosen, Karyawan, dan Mahasiswa Universitas Negeri Malang,
- Para Undangan dan Hadirin semuanya.

Mari kita panjatkan puji syukur ke hadirat Allah subhanahu wa ta'ala, yang telah memberikan segala rahmat dan karuniaNya, sehingga kita dapat hadir dalam sidang majelis yang berbahagia ini, seraya memohon agar kegiatan ini mendapat ridhaNya. Amiin. Semoga shalawat dan salam selalu terlimpah kepada junjungan kita, Rasulullah Muhammad SAW, beserta keluarga, sahabat dan para pengikutnya.

Bapak Rektor, Anggota Senat serta Para Hadirin yang saya hormati

Merupakan kehormatan yang tinggi bagi saya pribadi untuk dapat berdiri pada sidang ini, di hadapan seluruh anggota senat dan hadirin semuanya, untuk menyampaikan pidato pengukuhan saya sebagai Guru Besar di Bidang Ilmu Genetika. Pidato ini adalah salah satu bentuk perwujudan saya dalam melaksanakan perintah Allah SWT yaitu *iqra'* dan *qalam*, seperti termaktub dalam Qur'an Surat Al-'Alaq dan Al-Qalam. Membaca dan menulis adalah dua konsep penting yang diwahyukan Allah

lewat perantaraan Malaikat Jibril kepada yang mulia Rasulullah Muhammad SAW, sebagai dua aktivitas yang merupakan “Kunci Ilmu Pengetahuan”. Semoga Allah membimbing saya dan kita semua untuk terus dapat melakukan perintah tersebut. Amiiin....

Materi pidato yang akan saya sampaikan ini adalah tentang taksonomi, yang selama ini dikenal sebagai ilmu untuk menggolongkan makhluk hidup. Sebagai suatu ilmu, taksonomi tidak berdiri sendiri, namun memerlukan dukungan ilmu lain. Salah satu ilmu yang berperan sangat penting dalam taksonomi adalah genetika, karena morfologi makhluk hidup ditentukan oleh gen dan dipengaruhi oleh lingkungan, sehingga taksonomi sangat erat kaitannya dengan gen yang dipelajari dalam bidang ilmu genetika.

Bapak, Ibu, Hadirin yang saya hormati

Genetika pada umumnya diartikan sebagai cabang ilmu biologi yang mempelajari tentang cara menurunnya sifat pada makhluk hidup, atau ilmu yang mempelajari sifat-sifat keturunan (hereditas). Pengertian umum tersebut saat ini sudah kurang memadai lagi mengingat kajian dalam bidang genetika cukup luas, di antaranya 1) struktur materi genetik (gen, kromosom, DNA (*deoxyribonucleic acid*), RNA (*ribonucleic acid*), plasmid, episom, dan elemen tranposabel); 2) reproduksi materi genetik (reproduksi sel, replikasi DNA, *reverse transcription*, *rolling circle replication*, *cytoplasmic inheritance*, dan *Mendelian inheritance*); 3) kerja materi genetik (transkripsi, modifikasi pasca transkripsi, kode genetik, translasi, konsep *one gene one enzyme*, interaksi kerja gen, kontrol kerja gen pada prokariotik, kontrol kerja gen pada eukariotik, kontrol genetik terhadap respon imun, kontrol genetik terhadap pembelahan sel, ekspresi kelamin); 4) perubahan materi genetik (mutasi dan rekombinasi); 5) genetika dalam populasi; dan 6) perekayasa materi genetik (Corebima, 2009).

Hampir atau tidak satupun ilmu biologi yang dapat berkembang tanpa konsep genetika, dengan kata lain genetika adalah ilmu biologi yang melingkupi seluruh ilmu hayati. Tidak salah kiranya jika Ayala (1984) mengutip pernyataan seorang ahli

genetika terkenal, Theodorus Dobzhansky: “*It is even more certain that nothing in biology is understandable except in the light of genetics. Genetics is the core biological science; it provides the framework within which the diversity of life and its processes can be comprehended as an intellectual whole*”.

Taksonomi sebagai Salah Satu Ilmu yang Didasari Genetika

Salah satu ilmu yang didasari genetika adalah taksonomi, sebagai disiplin ilmu yang mencakup identifikasi, memberi nama dan mengklasifikasikan organisme. Taksonomi berperan penting dalam menyediakan perangkat pengetahuan untuk mengkarakterisasi organisme dan sekaligus merekognisinya dalam rangka memahami keanekaragaman. Taksonomi juga diartikan sebagai ilmu yang mendefinisikan dan mendokumentasikan keanekaragaman biologi, yang mengungkap kesamaan dan perbedaan di antara kelompok organisme sebagai dasar pengetahuan berbagai aspek lain dalam biologi (National Biological Information Infrastructure, 2010).

Salah satu tugas taksonomi adalah mendokumentasikan perubahan-perubahan yang terjadi selama evolusi dan merubahnya ke dalam sebuah sistem klasifikasi yang mencerminkan hubungan evolusi (*evolutionary relationship*) dari kelompok-kelompok organisme biologi. Banyak organisme memiliki karakter yang homolog karena memiliki nenek moyang yang sama. Sebagai contoh, suatu spesies yang memiliki lebih banyak kesamaan genetik, jalur metabolisme, dan protein struktural dengan spesies lain akan memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dibandingkan dengan spesies lain yang berkerabat jauh. Hubungan evolusi yang direkonstruksi dengan baik dapat digunakan sebagai landasan untuk melakukan penelitian-penelitian komparatif misalnya dalam bidang ekologi dan biogeografi.

Sejarah evolusi dari sekelompok organisme dapat digambarkan dengan diagram bercabang yang disebut pohon filogeni. Terdapat dua pendekatan untuk merekonstruksi hubungan evolusi, yaitu fenetik dan kladistik. Pendekatan fenetik menaksir hubungan evolusi berdasarkan kepemilikan karakter atau ciri yang sama (*overall similarity*) dari anggota-anggota suatu kelompok,

sedangkan pendekatan kladistik berdasarkan pada hubungan perjalanan evolusi karakter atau ciri dari setiap anggota suatu kelompok yang sedang dipelajari. Kladistik sering dikenal sebagai filogenetika dan merupakan pendekatan yang umum digunakan di dalam banyak penelitian taksonomi.

Peranan genetika, pada awalnya hanya dipandang sebagai penunjang taksonomi melalui kriterium yang sangat penting, yaitu jumlah dan konstelasi kromosom. Organisme sejenis mempunyai jumlah dan konstelasi kromosom yang sama. Hal ini berarti seorang taksonom diharapkan dapat menghitung jumlah kromosom yang dimiliki suatu organisme, sehingga tidak hanya berdasarkan pendekatan morfologi semata. Pada perkembangannya, genetika tidak saja dipakai sebagai penunjang taksonomi, namun sebagai dasar yang cukup kuat bahkan tidak sedikit taksonom molekuler yang menggunakannya sebagai satu-satunya pijakan kajiannya, melalui aspek yang lebih mendasar yaitu DNA (*deoxyribonucleic acid*), yang akan diulas pada bagian lain pada tulisan ini.

Cara Pandang Taksonom yang Bersandar pada Data Morfologi dan Molekuler

Dari berbagai sumber, Dayrat (2005) menyatakan bahwa taksonomi sedang menghadapi permasalahan kritis dan harus dapat ditentukan bagaimana masa depannya, mengingat diperkirakan masih ada 10 juta spesies yang harus ditangani. Terdapat kebutuhan yang penting untuk melakukan deliniasi spesies, tidak hanya untuk keperluan inventori spesies semata, tetapi yang lebih penting, karena sebagian besar pertanyaan dalam biologi evolusioner (misalnya spesiasi), ekologi (misalnya untuk pengembangan ekosistem), konservasi biologi (misalnya prioritas konservasi) atau biogeografi (misalnya proses diversifikasi) tergantung pada inventori spesies dan pengetahuan tentang spesies. Kebutuhan akan inventori spesies menjadi tanggungjawab tidak hanya oleh para taksonom yang sudah mumpuni tetapi juga berbagai pihak sekalipun dengan pengetahuan yang terbatas, dan untuk lingkup yang terbatas pula. Dalam kaitan keterbatasan tersebut, kajian taksonomi sudah dapat dilakukan beberapa hal, misalnya berdasar morfologi untuk tingkatan inventori (Sulamsi *et*

al., 1994; Zubaidah, 1996; Zubaidah *et al.*, 2001), pada pengkajian taksonomi yang melibatkan aspek kromosom (Zubaidah, 1997a, 2001; Zubaidah dan Sunarmi, 1998), terkait dengan pengkajian molekuler (Zubaidah dan Kuswantoro, 2007), dan untuk penyusunan filogeni sederhana (Zubaidah, 1997b).

Hadirin yang saya hormati,

a. Pro-Kontra antara pendekatan morfologi dan molekuler

Mari kita cermati ayat-ayat berikut.

- *“Dia menundukkan pula apa yang Dia ciptakan untuk kamu di bumi ini dengan berlain-lainan macamnya...”* (QS.An-Nahl:13).
- *“... Kami tumbuhkan padanya segala macam tumbuhan yang indah dipandang mata. Untuk menjadi pelajaran dan peringatan bagi tiap hamba yang kembali (mengingat Allah).”*(QS.Qaaf: 7 -8).
- *“... Kami tumbuhkan dengan air itu bermacam-macam tumbuhan, kemudian Kami keluarkan daripadanya daun-daun menghijau. Kami keluarkan daripadanya biji-bijian yang bersusun-susun, dari mayang pohon kurma. (Kami keluarkan) buah kurma dengan tangkainya yang berdekatan dan lagi (Kami tumbuhkan) kebun-kebun dari pokok-pokok anggur, zaitun dan delima, yang serupa dan tiada yang serupa. Kamu perhatikanlah buahnya, bila ia berbuah dan buahnya yang telah masak. Sesungguhnya yang demikian itu menjadi tanda-tanda bagi kaum mau beriman.”*(QS. Al-An’am: 99).
- *“..., lalu Kami keluarkan dengan dia buah-buahan yang bermacam-macam warnanya”*(QS. Al-Faathir: 27).
- *“Dan apakah mereka tidak memperhatikan bumi, berapa banyaknya Kami tumbuhkan di bumi itu pelbagai pasangan dari tumbuh-tumbuhan yang baik?”*(QS.Asy-Syu’ara: 7).
- *“Dan Allah menciptakan semua jenis hewan dari air, maka sebagian ada yang berjalan di atas perutnya, dan sebagian berjalan dengan dua kaki, sedangkan sebagian yang lain berjalan dengan empat kaki. Allah menciptakan apa yang Dia kehendaki. Sungguh, Allah Maha Kuasa atas segala sesuatu* (QS. An-Nur:45).

Ayat-ayat tersebut, dan masih banyak ayat lagi, yang menunjukkan bahwa di alam terdapat keanekaragaman makhluk hidup. Tidak ada satupun yang sama persis. Begitu banyak jumlah manusia, hewan, tumbuhan, dan jasad renik, tetapi tidak ditemukan dua individu yang sama persis. Manusia berusaha mempelajari keanekaragaman makhluk hidup tersebut untuk memenuhi kepentingannya. Dalam bidang taksonomi, manusia menemukan, mengidentifikasi, memberi nama dan mengklasifikasikan makhluk-makhluk tersebut, baik yang masih hidup maupun yang sudah menjadi fosil. Pada bagian lain dari tulisan ini terungkap bahwa masih terdapat sekitar 1,5 sampai 2 juta spesies yang telah dideskripsikan dan terdapat sekitar 5 sampai 10 juta lebih yang masih menunggu dideskripsikan dan diberi nama. Inilah masalah yang sedang dihadapi dunia taksonomi, terutama masalah deliniasi spesies.

Penyelesaian masalah deliniasi spesies seperti yang telah dijelaskan sebelumnya, menimbulkan perbedaan pendapat antara penyelesaian melalui pendekatan taksonomi berbasis morfologi atau berbasis molekuler (Nudds & Villard, 2010). Perbedaan pendapat tersebut dapat ditemukan dalam berbagai publikasi, di antaranya dalam Ebach & de Carvalho (2010) yang mengutip beberapa pernyataan berikut.

“...morfologi semata tidak adekuat untuk identifikasi tingkat spesies...” (Packer *et al.*, 2009).

“...harusnya dipertanyakan cara modern untuk *sharing* data terutama internet, bagaimana taksonomi molekuler digunakan secara efisien dan meningkatkan keterkaitannya dengan pengguna akhir taksonomi...” (Godfray *et al.*, 2008).

“...para taksonom harus menguasai perangkat baru yang berpotensi berguna (seperti DNA *barcode* untuk penemuan dan identifikasi spesies) dan merangkul para ahli yang lain...” (Agnarrson & Kuntner, 2007).

Holynski (2010) menyatakan bahwa pendekatan molekuler seperti DNA *barcoding* tidak efisien untuk penelitian dasar dan tidak *qualified*. Ebach & de Carvalho (2010) juga menyatakan

kalimat-kalimat yang menunjukkan adanya “permusuhan” antara taksonom morfologi dan molekuler, seperti berikut ini.

“DNA barcoding does not adhere to best practice in taxonomy simply because it is not taxonomic in nature. Taxonomy, for instance, is purely morphological and not molecular”

“DNA barcoding, by its own admission, is unable to completely do or replace taxonomy, how then, can it discover new species?”

Para ilmuwan biologi non-taksonomi merasa frustrasi dengan pendekatan tipologis 'kuno' dalam taksonomi spesies. Mereka mempertanyakan apakah saat ini morfologi masih tetap mempunyai peran dalam penyusunan filogeni. Salah satu sumber kefrustasian adalah berlimpahnya perulangan nama spesies karena satu spesies mempunyai lebih dari satu nama, termasuk nama yang meragukan, atau nama yang tidak diketahui penerapannya, yang disebut *nomina dubia*. Scotland *et al.* (2003) berpendapat bahwa penggunaan morfologi secara aktif untuk rekonstruksi filogeni sudah *mati*, tidak diperlukan lagi, dan bahwa filogeni seharusnya hanya menggunakan data molekuler saja. Sejalan dengan pendapat tersebut, Rokas *et al.* (2003) menyatakan bahwa kita hidup di abad *comparative genomics*, dan nampaknya tidak cukup banyak nilai jika melakukan rekonstruksi filogeni dengan menggunakan data morfologi lagi. Semakin banyak gen dan genom yang disequens, yang menghasilkan ribuan atau milyaran informasi, akan memungkinkan munculnya karakter molekuler yang independen untuk memecahkan masalah filogenetika. Sangat cepatnya diperoleh sekuens data dan cepatnya inovasi proses pengolahan data, nampak bahwa tidak akan terlalu lama lagi akan dapat disusun filogeni dari hampir semua spesies yang ada di bumi dengan hanya menggunakan data molekuler saja.

Pernyataan-pernyataan yang ‘mengagungkan’ pendekatan molekuler tersebut dianggap Mishler (2010) kurang bijaksana dan merendahkan nilai karakter morfologi, padahal karakter molekuler juga memiliki ketidakpastian yang sama dalam hal homologi dan analisis karakter, bahkan mungkin cukup homoplastik. Kurang bijaksana juga apabila sebagian komunitas ilmiah menolak

penggunaan ide-ide inovatif dalam taksonomi molekuler seperti DNA *barcode*, yang aplikasinya dianggap bertentangan dengan penggunaan morfologi.

Cortese *et al.* (2010) memandang dari sudut lain, yang berpendapat bahwa kedua pendekatan, baik morfologi maupun molekuler sama-sama diperlukan untuk memperjelas kekerabatan genetik di dalam spesies. Pendapat tersebut didasari pada kenyataan bahwa setiap perangkat data memberikan informasi yang komplemen dengan kekuatan yang lebih besar untuk analisis keanekaragaman genetik, dibandingkan apabila hanya digunakan secara terpisah. Lain halnya dengan Wiens (2004) dan Smith & Turner (2005), dengan keras mereka menepis pendapat yang ‘mendewakan’ pendekatan molekuler, sebab meskipun tak dapat disangkal kelebihan data molekuler, **mutlak tetap diperlukan** penambahan data morfologi untuk analisis filogeni. Banyak hasil yang “mengejutkan”, di mana berbagai kajian filogenetika molekuler ternyata hasilnya sama dengan kajian berdasar morfologi beberapa dekade yang lalu (Endress *et al.*, 2000), sehingga tidak peduli seberapa kekuatan data molekuler, data morfologi sangat penting untuk kajian filogenetika.

b. Karakter morfologi sebagai penyusun filogeni dalam taksonomi

Para taksonom morfologi, memandang bahwa morfologi semata dapat digunakan sebagai dasar dalam taksonomi. Mengapa data morfologi masih diperlukan? Ada banyak alasan untuk melakukan filogenetika morfologi. Alasan yang paling kuat untuk terus mengumpulkan data morfologi dalam jangka panjang ke depan adalah untuk menyelesaikan hubungan filogenetika taksa fosil dan hubungannya dengan taksa yang masih hidup. Rekonstruksi *Tree of Life* harus mencakup taksa fosil, dengan mempertimbangkan semua spesies yang pernah mengalami evolusi yang kebanyakan sekarang sudah punah (> 99% berdasarkan perkiraan). Banyak kelompok yang punah tersebut beragam macamnya, dengan lingkup ekologis yang sangat penting dan memiliki perbedaan kekerabatan di lingkungan mereka hidup. Pada masa sekarang dan yang akan datang, hubungan dari taksa fosil

hanya dapat ditentukan melalui analisis filogenetika dengan data morfologi (sekalipun studi molekuler taksa fosil saat ini sangat mengesankan). Pengetahuan tentang kecepatan dan waktu proses makroevolusi taksa hidup dan taksa fosil juga memerlukan informasi filogenetika dari fosil. Meskipun metode yang tersedia memungkinkan diperolehnya data divergensi melalui estimasi data molekuler, namun masih tetap membutuhkan kalibrasi eksternal yang berasal dari bukti fosil. Oleh karena fosil tua jarang yang sama atau sejenis dengan spesies hidup, maka penetapan fosil ke dalam kelompok hidup tidak bisa dilakukan hanya berdasarkan keseluruhan kesamaannya. Estimasi filogeni taksa fosil dan taksa hidup hanya dapat dilakukan dengan menggunakan data morfologi. Berbagai informasi tersebut dipaparkan Wiens (2004) dari berbagai sumber.

Mishler (2010) menyampaikan sepuluh alasan karakter morfologi digunakan dalam filogenetika. (1) Kompleksitas karakter morfologi yang tinggi memungkinkan penilaian homologi lebih baik. Tidak seperti sekuens DNA yang sering kali hanya berantai satu dimensi (adakalanya berstruktur sekunder), morfologi cukup kompleks dan berdimensi tiga. (2). Morfologi mempunyai beberapa status karakter yang potensial. (3) Data bisa diperoleh dari beberapa spesimen dengan mudah dan cepat. (4) Identifikasi silsilah di lapangan dapat dilakukan dengan mudah. (5) Adanya penemuan beberapa apomorfi. (6) Morfologi bisa memberikan perangkat data yang independen, berbeda dari gen organel dan gen inti. (7) Karakter morfologi mungkin akan membantu memperoleh jawaban yang terbaik. (8) Karakter morfologi (dan anatomi) tidak mengalami pola perubahan episodik. (9) Pengambilan sampel yang lebih baik untuk penyusunan *pohon kehidupan*. (10) Kajian *jam molekuler* dan silsilah masih tetap memerlukan karakter morfologi terutama untuk kajian fosil.

Smith (1997) memberi perbandingan kelebihan dan kelemahan analisis filogeni menggunakan data morfologi dan data molekuler. Kelebihan dan kelemahan data morfologi adalah berikut ini. (1) Definisi karakter sulit dan subyektif, tidak jelas petunjuknya untuk penyusunan postulat bahwa homologi adalah bervariasi di antara taksa. (2) Karakter informatif secara filogeni

terdapat dalam jumlah yang terbatas, khususnya karakter fosil karena hanya terdapat struktur kerasnya. (3) Karakter morfologi umumnya membentuk suatu kompleks fungsi terintegrasi. Hal tersebut mengakibatkan terbatasnya partisi data. (4) Karakter morfologi fosil tetap bertahan meski dalam kurun waktu lama. Pelibatan data fosil yang berkerabat dapat digunakan untuk penentuan divergensi. Dengan demikian, data morfologi dapat diperoleh sehingga hampir bebas dari *post divergence virtually*. (5) Karakter morfologi seringkali kompleks dan terbuka evolusi dari berbagai arah. Hal tersebut mengakibatkan penyusunan modeling evolusi secara virtual tidak mungkin tetapi dapat menurunkan kemungkinan konvergensi kecuali pada kasus kehilangan karakter. (6) Terdapat data yang sangat luas pada morfologi dari spesies pada taksa yang lebih tinggi, karakter-karakter tersebut tidak reliabel (karena menunjukkan variabilitas yang ekstrim di antaranya termasuk spesies), dan lebih mudah dikenali.

Wiens (2004) mengasumsikan bahwa untuk masa depan kemungkinan kekerabatan di antara spesies hidup akan dapat dilakukan dengan baik oleh data molekuler, terutama jika tingkat sekuensing genom dan kepunahan spesies terjadi secara cepat. Namun demikian, saat ini hal tersebut belum diketahui dengan jelas, oleh karena itu terdapat sejumlah alasan kuat untuk melanjutkan rekonstruksi filogeni menggunakan data morfologi. **Pertama**, ada banyak taksa hidup yang masih sulit untuk dipelajari secara molekuler. Misalnya, banyak spesies reptil dan amfibi dikenal dari jumlah spesimen yang sangat terbatas, yang diawetkan sehingga untuk memperoleh data molekuler sangat sulit (misalnya karena fiksasi formalin), dan mungkin tidak pernah dapat dikumpulkan kembali (misalnya karena distribusinya terbatas, perusakan habitat, dan faktor lainnya). Mengingat hal tersebut, satu-satunya cara supaya diketahui tentang hubungan spesies ini adalah melalui analisis filogenetika morfologi. Situasi yang sama mungkin ada pada taksa lain, misalnya serangga dan tanaman, dan masih banyak spesies yang yang diketahui hanya dari sebuah spesimen tunggal yang dikumpulkan puluhan tahun yang lalu. **Kedua**, sampai dicapai tahap di mana semua filogeni molekuler dapat direkonstruksi tanpa kesalahan, masih diperlukan analisis

filogeni berbasis morfologi yang teliti sebagai *reality check* terhadap hasil analisis molekuler. Ada banyak faktor yang menjadi penyebab analisis molekuler untuk rekonstruksi *clades* yang baik, benar dan didukung dengan statistik yang cukup baik. Faktor tersebut antara lain panjang-cabang, deviasi antara gen dan *species tree*, dan masalah lain seperti adanya kontaminasi dan kesalahan identifikasi spesimen. Membandingkan hasil analisis molekuler dengan filogeni berbasis morfologi dapat membantu mencegah kesalahan dalam kasus tersebut. **Ketiga**, secara molekuler masih jauh gambaran semua spesies yang hidup di bumi karena masih kurang data sekuensingnya. Diperkirakan baru sekitar 1,5 juta spesies telah dideskripsikan dan 5 sampai 10 juta lebih yang masih menunggu dideskripsikan.

Wiens (2004) membantah berbagai pendapat yang menyatakan bahwa data morfologi jauh lebih homoplasi dibanding data molekuler. Kajian terbaru menunjukkan bahwa data morfologi rata-rata hanya menunjukkan sedikit homoplasi dibanding data sekuens DNA. Hal tersebut telah banyak dibuktikan, antara lain oleh survai empirik analisis filogenetika data morfologi dan molekuler, meskipun hal tersebut juga bergantung pada posisi genom, gen, atau nukleotida yang dipertimbangkan. Salah satu bukti diberikan oleh Baker *et al.* (1998) yang menemukan dalam 26 dari 31 kajian menunjukkan bahwa indeks konsistensi data morfologi lebih tinggi yang sangat signifikan ($P = 0,0002$), dibandingkan data molekuler. Yassin *et al.* (2010) juga membuktikan bahwa data non-molekuler seperti morfologi, geografi, isolasi reproduksi, dan lainnya, jauh lebih relevan dibandingkan data molekuler pada kajian *Drosophila*.

Secara umum, kajian morfologi cenderung murah biayanya, sampling taksonomi dapat lebih banyak, dapat diskoring berbagai karakternya tanpa merusak spesimen, dan satu-satunya metode analisis untuk taksa yang sudah punah dari rekaman fosil. Namun demikian, Wiens (2001) juga memaparkan berbagai permasalahan analisis karakter morfologi berdasarkan berbagai sumber. Permasalahan tersebut di antaranya meliputi bagaimana cara mengkonstruksi karakter, apakah variasi karakter interspesies dapat dimasukkan, bagaimana variasi di dalam spesies dikodekan,

bagaimana *character states* diurutkan, dan bagaimana pembobotan karakter morfologi yang berbeda tipenya. Perbedaan-perbedaan pilihan dan asumsi sangat penting karena akan mengarahkan pada pohon filogeni yang berbeda. Atas berbagai permasalahan tersebut (seleksi, definisi, delimitasi, dan pengurutan karakter), Wiens juga telah mengusulkan alternatif pemecahannya seperti berikut ini. Sebagian besar atau beberapa karakter morfologi dideskripsikan variasinya secara kuantitatif (misalnya perbedaan ukuran, bentuk, atau jumlah struktur homolog yang serial) tanpa memperhatikan apakah ahli sistematik akan memilih pengkodean secara kuantitatif atau kualitatif). Dengan demikian, tiga permasalahan mendasar pada analisis karakter (definisi, delimitasi, dan pengurutan karakter) berpotensi untuk terjawab dengan pengkodean karakter kuantitatif, yang dapat dianalisis secara langsung sebagai variabel kontinyu. Terhadap permasalahan penskalaan atau pembobotan karakter kuantitatif secara relatif terhadap karakter kualitatif dan terhadap sesamanya, Wiens mengusulkan tiga alternatif metode pembobotan, yang disebut *between-character scaling*, *between-state scaling*, dan *statistical scaling*. Secara detail, ketiga cara tersebut dapat dikaji pada tulisan Wiens (2001).

c. Karakter molekuler sebagai penyusun filogeni dalam taksonomi

Hou *et al.* (2007) menjelaskan bahwa para taksonom molekuler memandang bahwa taksonomi tradisional seringkali gagal merekonstruksi filogenetik karena morfologi hanya menyediakan karakter informatif yang terbatas terutama untuk organisme dengan morfologi tereduksi. Morfologi juga seringkali melewati proses seleksi intensif sehingga umumnya mengalami evolusi paralel dan konvergen. Sebagai konsekuensinya, saat ini taksonom menggunakan teknik molekuler pada kajian mereka dengan tujuan untuk menjawab pertanyaan-pertanyaan yang tidak dapat dijawab oleh morfologi saja. Perkembangan teknologi molekuler yang cepat dan biaya yang relatif murah, telah menjadikan sekuen DNA sebagai pilihan data yang populer untuk menyusun filogeni. Data DNA berpotensi menyediakan karakter informatif hampir tidak terbatas dan terdapat pilihan untuk

menjawab filogeni yang beragam karena gen mempunyai tingkat variabilitas yang berbeda.

Sekuen molekuler menyediakan informasi-informasi baru yang sangat penting yang menyumbang filogeni. Sekuen molekuler tersebut menyediakan sejumlah besar informasi karakter yang tidak dapat disediakan karakter morfologi (Lee, 2004). Vanderpoorten & Shaw (2010) menyatakan bahwa filogenetika molekuler merupakan alat yang sangat berguna untuk memperbaiki hipotesis taksonomi, terutama untuk takson dengan morfologi tereduksi seperti bryofit. Pendekatan molekuler berguna pada kasus variasi morfologi terbatas. Bagian-bagian dari genom berevolusi pada tingkat yang berbeda, karena itu dapat digunakan untuk menjawab pertanyaan tentang evolusi pada tingkat hirarki taksonomi yang berbeda.

Smith (1997) menjelaskan kelebihan dan kelemahan data molekuler berikut ini. (1) Definisi karakter sederhana dan objektif, jelas petunjuknya untuk penerimaan suatu proposisi bahwa suatu karakter di antara suatu taksa adalah homolog. (2) Karakter informatif yang potensial secara filogenetika dapat ditemukan dalam jumlah yang banyak dari suatu genom. (3) Variasi gen yang sangat besar dengan fungsi berbeda, memungkinkan partisi data dan dapat digunakan secara terpisah untuk menyusun kekerabatan filogenetika. (4) Data molekuler dapat diperoleh untuk sebagian besar organisme yang masih ada. Evolusi sekuens yang kontinyu dari waktu ke waktu, menghasilkan *overprinting* dan degradasi sinyal filogenetika dari *cabang-cabang dalam* filogeni. (5) Perubahan nukleotida terjadi dengan kecepatan yang tinggi sehingga sering terjadi pembalikan. Hal tersebut mempermudah penyusunan modeling evolusi sekuens nukleotida, tetapi juga dapat meningkatkan terjadinya homoplasi. (6) Hanya sebagian kecil taksa yang sudah disekuensing sehingga satu spesies seringkali digunakan untuk mewakili keseluruhan kelompok besar. Pada beberapa kasus tidak mungkin untuk membedakan antara karakter apomorfik yang variabelnya sangat tinggi di antara anggotanya, dan hal itu menunjukkan konsistensi dan stabilitas yang tinggi, juga lebih reliabel. Kelebihan lain dari analisis molekuler adalah meliputi sejumlah besar karakter yang tersedia sehingga

analisisnya dapat menghasilkan resolusi yang lebih baik dari analisis morfologi. Lebih penting lagi, data molekuler memperbolehkan pemilihan di antara hipotesis atau kekerabatan dan memperkenankan penempatan taksa yang dipermasalahkan.

DNA *Barcoding* dalam Taksonomi Molekuler

a. DNA *barcoding*

DNA *barcode* adalah sekuen atau urutan basa nukleotida dari DNA atau gen tertentu yang ukurannya pendek, diambil dari bagian satu atau beberapa genom yang terstandar, digunakan untuk identifikasi dan penemuan spesies secara cepat dan praktis (Petit & Excoffier, 2009; Spooner, 2009). Sekuen yang paling banyak digunakan adalah DNA mitokondria untuk hewan dan eukariot lainnya; gen *matK* dan *rbcl* untuk tanaman darat. Contoh sekuen lain, diberikan pada bagian berikutnya dalam tulisan ini. DNA *barcode* dihasilkan oleh kemajuan bidang sekuensing (pengurutan DNA) dan teknologi komputasi. Urutan atau sekuen DNA tersebut digunakan sebagai sumber utama dalam pemahaman evolusi atau kekerabatan genetika. Istilah DNA *barcode* mengisyaratkan bahwa setiap spesies dicirikan oleh suatu sekuen atau urutan DNA unik, sehingga dapat menunjukkan variasi genetik di dalam setiap spesies, juga di antara spesies (Dasmahapatra & Mallet, 2006). Pada akhir dekade ini, sekuen DNA yang lengkap dari berbagai genom telah diperoleh dan telah terkumpul informasi puluhan juta sekuen dari berbagai spesies pada NCBI Genbank (Kumar & Filipski, 2008). Selanjutnya Kumar & Filipski (2008) menjelaskan analisis filogenetika molekuler, setidaknya melalui tahap berikut.

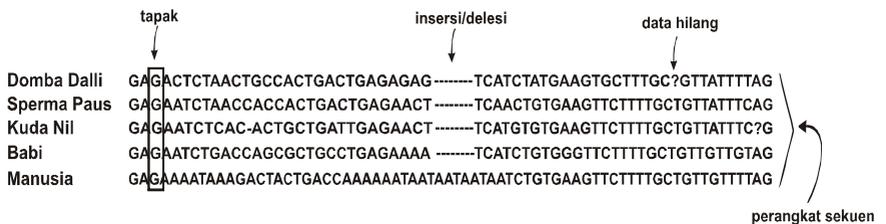
1) *Pemilihan data sekuen DNA*

Sekuen DNA yang akan dibandingkan adalah harus dipastikan memiliki homologi pada setiap organisme yang diteliti, juga harus memenuhi kondisi kuat memiliki orthologous, yaitu memiliki divergensi melalui spesiasi dan bukan melalui duplikasi gen. Terdapat banyak hal yang harus dipertimbangkan untuk tujuan ini. Sebagai contoh, untuk organisme yang berkerabat jauh, sekuen asam amino lebih sering digunakan, sebab sekuen nukleotida berevolusi jauh lebih cepat dari asam amino. Pada sisi

lain, sekuen nukleotida dapat lebih informatif, karena memungkinkan adanya perbedaan yang disebabkan substitusi nukleotida yang tidak mengubah asam amino yang dikodekan (*silent substitution*) atau adanya substitusi pengganti. Untuk kajian populasi genetik intraspesifik dan antarspesies yang berkerabat dekat, DNA mitokondria sering digunakan karena bagian dari itu berevolusi lebih cepat dari gen inti sehingga dapat memberikan variasi lebih banyak untuk merekonstruksi sejarah evolusi.

2) Sequencing dan sequence alignment

Tahap berikutnya adalah *sequencing* atau pengurutan sekuen DNA dari gen yang telah diperoleh atau gen yang sudah tersedia, serta *alignment* atau penyesuaian posisi (contohnya pada Gambar 1.). *Sequences alignment* untuk menentukan apakah satu sekuen DNA adalah homolog dengan yang lainnya. *Alignment* yang melibatkan dua sekuen yang homolog disebut *pairwise alignment*, sedangkan yang melibatkan banyak sekuen yang homolog disebut *multiple alignment*. Keberhasilan analisis filogenetika sangat tergantung kepada akurasi proses *alignment*.



Gambar 1. Suatu *alignment* sebagian sekuen gen g-fibrinogen dari lima mamalia. Mutasi insersi-delesi ditunjukkan dengan tanda (-) dan data hilang dengan tanda tanya (?) (Kumar & Filipiski, 2008).

Saat ini, banyak program komputer tersedia secara gratis di internet untuk membantu proses *alignment*, misalnya ClustalX. Pada studi filogenetika molekuler, tahap ini akan menjadikan, misalnya setiap basa nukleotida (A,C,T,G), menjadi *site* tertentu

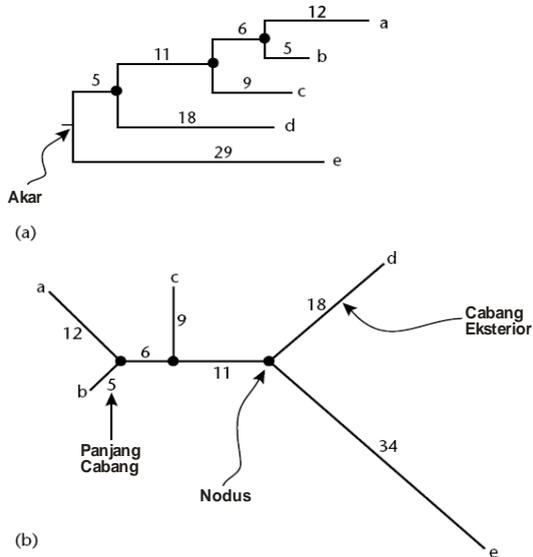
yang ekuivalen dengan karakter, seperti karakter lebar daun atau sifat permukaan batang ketika menggunakan data morfologi. Jadi, misalnya diperoleh ukuran sekuen DNA sepanjang 600 pasang basa, maka jumlah karakter yang digunakan adalah sebanyak 600 karakter. Pada proses *alignment* sering ditemukan adanya *gap*, yang ditandai oleh garis putus-putus. *Gap* terjadi karena adanya insersi dan atau delesi. Pada prakteknya, *gap* bisa dianggap sebagai data yang hilang, walaupun pada banyak kasus *gap* dapat dilibatkan dalam analisis karena bisa bersifat informatif.

3) Rekonstruksi pohon filogenetik

Tahap berikutnya adalah penyusunan pohon filogenetik, yang struktur pentingnya diberikan oleh topologinya, yaitu nodus yang terhubung ke yang lainnya (Gambar 2). Hampir semua metode rekonstruksi menghasilkan pohon filogenetik tanpa akar (Gambar 2b). Beberapa metode rekonstruksi pohon filogenetik telah tersedia, di antaranya *distance method* (DM), *likelihood method* (LM), *Bayesian method* (BM), dan *parsimony method* (PM). Ratusan *software* tersedia untuk semua metode tersebut, baik yang gratis dengan *open source code* maupun yang membayar dengan biaya relatif murah. Sebagai contoh, Joseph Felstein menyediakan ratusan daftar program filogeni pada <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html> dan pada referensi Hall (2007) menunjukkan cara melakukan analisis filogenetika molekuler.

Prinsip DM adalah jumlah perbedaan nukleotida antara dua sekuen DNA menunjukkan jarak evolusi yang terjadi. Jarak evolusi dihitung untuk semua pasang sekuen DNA dan sebuah pohon filogenetika direkonstruksi dari jarak atau perbedaan pasangan basa nukleotida tersebut dengan menggunakan kriteria *least square*, *minimum evolution*, *neighbor joining*, dan *distance measure*. Prinsip LM ini adalah bahwa perubahan-perubahan di antara semua basa nukleotida adalah sebanding. Masalah serius dari metode ini adalah waktu perhitungan yang lama, walaupun telah dikembangkan algoritma baru yang dianggap dapat mempercepat proses perhitungan. BM pada dasarnya sama dengan LM, hanya berbeda dalam penghitungan distribusi *prior* untuk

membangun pohon filogenetika. Salah satu metode untuk menghitung distribusi *prior* adalah metode MCMC (Markov Chain Monte Carlo). PM berdasar anggapan bahwa perubahan mutasional berlangsung pada semua arah di antara empat basa nukleotida atau 20 asam amino yang berbeda dan, berbeda dengan ketiga metode yang lain, hanya jumlah perubahan basa nukleotida atau asam amino yang terkecil yang dapat memberikan penjelasan yang baik mengenai keseluruhan proses evolusi yang terjadi. Topologi pohon yang dipilih sebagai yang terbaik adalah yang mengalami jumlah perubahan yang paling kecil. Dari keempat metode di atas, PM lebih sering dipilih, antara lain karena pohon yang dibentuk lebih menggambarkan perubahan evolusioner yang terjadi setiap waktu, mengandung asumsi bahwa proses evolusi akan menempuh jalan yang paling singkat (*parsimonious*), dan perhitungan relatif lebih sederhana dan cepat dengan tingkat realibilitas yang tinggi. Penjelasan tentang perhitungan-perhitungan estimasi jarak pada berbagai model dan petunjuknya dapat ditelusuri lebih lanjut pada berbagai sumber, misalnya Saitou & Nei (1987), Nei & Kumar (2000), atau referensi lainnya.



Gambar 2. Pohon evolusi dari lima sekuen (a) dengan akar dan (b) tanpa akar. Panjang cabang digambarkan proporsional sesuai jarak evolusi, yang dapat diekspresikan dalam unit waktu atau jumlah substitusi (Kumar & Filipski, 2008).

4) Uji reliabilitas pohon filogenetika

Tahap berikutnya dari rekonstruksi filogeni adalah menguji reliabilitas pola percabangan yang sudah disusun dan uji topologi antara dua atau lebih pohon yang berbeda berdasarkan perangkat data yang sama. Banyak metode telah dikembangkan untuk menguji reliabilitas, di antaranya *interior branch test* (IB) dan *Felsenstein's bootstrap test* (FB). Prinsip IB adalah estimasi pohon dengan menguji reliabilitas setiap cabang sebelah dalam (*interior branch*). Pada FB, reliabilitas diuji dengan menggunakan metode *Efron's bootstrap*. Penjelasan rinci tentang *bootstrap test* dan macam-macam uji pohon filogenetik lainnya dapat dilihat pada Nei & Kumar (2000) dan Felsenstein (2004).

Terkait dengan *alignment* data sekuen DNA, Blair & Murphy (2010) mengingatkan para penggunanya bahwa

filogenetika yang kuat tergantung pada kualitas MSA (*multiple sequence alignment*). Akurasi determinasi karakter homologi cukup penting untuk mengambil kesimpulan sejarah evolusi, sehingga metode yang optimal harus ditemukan untuk *alignment* sekuen yang divergen. Adanya daerah intronik dan intergenik memerlukan asesmen yang akurat terhadap homologi pasangan basa. Hal tersebut akan menjadi masalah, sekalipun permasalahan data multilokus telah tersedia. Secara tradisional, MSA diperiksa secara manual atau dengan bantuan algoritme komputer. *Alignment* manual (misalnya dengan mata) seringkali relatif lebih baik pada saat mengambil kesimpulan kekerabatan yang menggunakan sekuen pengkode terkonservasi. Namun demikian, *alignment* secara manual pada sekuen non-koding akan menjadi masalah jika terdapat insersi atau delesi. Stamatakis & Carrasco (2011) mengusulkan adanya program verifikasi agar tidak terjadi kesalahan penyimpulan hasil yang fatal.

b. Sumber data DNA *barcoding*

Sumber karakter DNA yang digunakan dalam taksonomi molekuler dapat diperoleh dari inti (nDNA), kloroplas (cpDNA), dan mitokondria (mtDNA). Beragam wilayah gen telah digunakan untuk taksonomi tingkat spesies, di antaranya ditunjukkan pada Tabel 1 (Hajibabaei *et al.*, 2007). Selain gen *rbcL* yang terdapat dalam genom plastida, yaitu pengkode subunit besar ribulose 1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase, masih banyak gen lain yang digunakan untuk taksonomi, antara lain: (1) gen *atpβ* yang mengkode ATP synthase β-subunit, (2) *matK* yang mengkode maturase pada proses *slicing* intron tipe II dari RNA transkrip, (3) gen *rpl16* dan *rpl14* yang mengkode subunit besar protein ribosom, dan (4) gen-gen *non-coding* seperti *trnL-F*, gen *accD*, dan *rps16*. Selain telah dicontohkan pada Tabel 1, gen lain dalam inti yang digunakan dalam taksonomi adalah gen 26S rDNA dan 5.8S rDNA, dan gen mitokondria yang lain adalah *nad1*. Namun demikian, Roy *et al.* (2010) menyatakan bahwa meskipun gen *matK* dan *rbcL* disarankan sebagai *barcode universal*, ternyata tidak dapat digunakan untuk semua genus tumbuhan.

Tabel 1. Beberapa contoh penanda molekuler tingkat spesies yang digunakan dalam kajian filogenetika molekuler (Hajibabaei *et al.*, 2007)

Gen ^a	Lokasi Genom	Jumlah Sekuen			
		Hewan	Tumbuhan	Protista	Jamur
COI- <i>barcode</i> ^b	Mitokondria	195.777	520	1931	410
16S-rDNA	Mitokondria	41.381	221	2059	285
<i>Cytb</i>	Mitokondria	88.324	165	1920	1084
ITS1-rDNA	Inti	12.175	57.693	68.839	56.675
ITS2-rDNA	Inti	13.923	58.065	67.332	56.349
18S-rDNA	Inti	21.063	17.121	32.290	33.327
<i>rbcL</i>	Plastida	NA ^c	30.663	37.328	TD

Keterangan

- Singkatan Gen ^a: COI: cytochrome c oxidase I; *cytb*, cytochrome b; ITS, internal transcribed spacer; *rbcL*, large subunit of ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase.
- ^b COI-barcode: statistik diperoleh dari Barcode of Life Data systems (<http://www.barcodinglife.org>). Statistik untuk lokus yang lain diperoleh dari GenBank. TD= tidak dapat digunakan

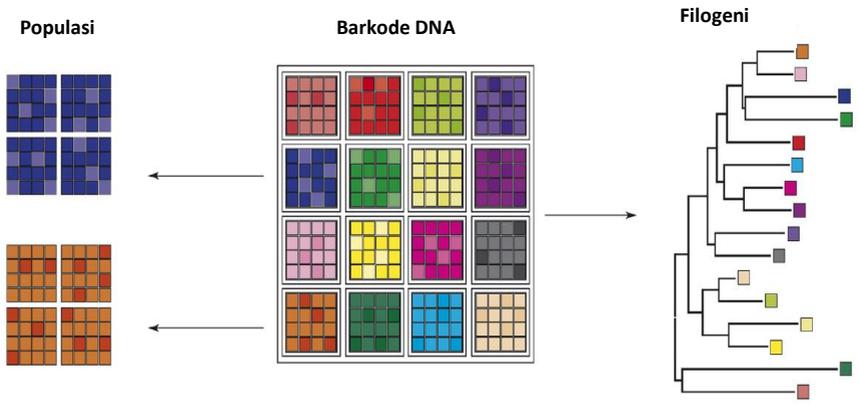
c. Mengapa DNA *barcoding*

Dari berbagai sumber, Casiraghi *et al.* (2010) menjelaskan bahwa DNA *barcoding* adalah alat atau sarana molekuler dan bioinformatika untuk identifikasi spesies biologi. Ide dasar pemanfaatan DNA *barcoding* adalah bahwa melalui analisis variabilitas pada satu (atau beberapa) penanda molekuler terstandar, memungkinkan untuk membedakan entitas biologi (sangat diharapkan merupakan tingkat taksonomi spesies). Metode ini didasarkan pada asumsi bahwa variasi genetik di antara spesies melebihi variasi di dalam spesies. Sebagai konsekuensinya, analisis DNA *barcoding* yang ideal mencerminkan distribusi variabilitas intraspesies dan interspesies yang dipisahkan oleh suatu jarak yang disebut 'DNA *barcoding gap*'. DNA *barcoding* sesuai untuk dua tujuan, yaitu untuk identifikasi molekuler spesies yang sudah terdeskripsikan maupun untuk spesies yang belum terdeskripsikan.

Hidayat dan Pancoro (2006) memberikan ulasan dari berbagai sumber, bahwa pemikiran dasar penggunaan sekuen DNA dalam studi filogenetika adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antara satu kelompok organisme dengan yang lainnya. Beberapa alasan mengapa digunakan sekuen DNA: (1) DNA merupakan unit dasar informasi yang mengkode organisme; (2) relatif lebih mudah untuk mengekstrak dan menggabungkan informasi mengenai proses evolusi suatu kelompok organisme, sehingga mudah untuk dianalisis; (3) peristiwa evolusi secara komparatif mudah untuk dibuat model; dan (4) menghasilkan informasi yang banyak dan beragam, dengan demikian akan ada banyak bukti tentang kebenaran suatu hubungan filogenetika. Beberapa fakta tentang DNA untuk filogenetika. *Pertama*, sekuen DNA menawarkan data yang akurat melalui pengujian homologi yang lebih baik terhadap karakter-karakter yang ada. *Kedua*, sekuen DNA menyediakan *character states* karena perbedaan laju perubahan basa-basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda adalah besar. *Ketiga*, sekuen DNA telah terbukti menghasilkan sebuah hubungan kekerabatan yang lebih alami (*natural*).

Analisis perbandingan sekuen DNA saat ini digunakan pada hampir semua bidang ilmu biologi, dari biologi perkembangan sampai epidemiologi (Tibayrenc, 2005), namun dua cabang biologi yang telah mengembangkan alat dan aplikasi yang digunakan untuk menilai kekerabatan biologi dengan sekuen DNA adalah filogenetika molekuler dan genetika populasi (Hajibabaei *et al.*, 2007). Bidang tersebut berfokus pada tingkat organisasi yang berbeda. Kajian filogenetika molekuler biasanya berurusan dengan hubungan evolusioner antara *clades* yang lebih rendah, sedangkan target genetika populasi adalah variasi di dalam dan di antara populasi dari spesies tunggal. Jika dibandingkan, DNA *barcode* menempati posisi tengah dengan fokus pada penggambaran mereka daripada kekerabatannya (Gambar 3). Perangkat data DNA *barcode* pada dasarnya terdiri dari sekuen-sekuen DNA berukuran pendek dari beberapa individu sejumlah besar spesies (biasanya lima sampai sepuluh individu tiap spesies, tetapi angka-angka ini

akan meningkat di masa depan) (Gambar 3). DNA *barcode* telah diketahui efektivitasnya pada kajian beberapa hewan, seperti burung, ikan, lembu, laba-laba, udang-udangan (Hou *et al.*, 2007), semut (Steiner *et al.*, 2010), kelelawar (Galimberti, *et al.*, 2010), porifera (Reveillaud, *et al.*, 2011), odonata (Damm, *et al.*, 2010), dan beberapa anggota Lepidoptera (Craft, *et al.*, 2010). Sistem DNA *barcode* juga telah dimanfaatkan untuk kelompok organisme lainnya, termasuk berbagai tanaman (misalnya kapas, buncis, mentimun, kacang tanah, *switchgrass* [Cortese *et al.*, 2010]), lili-lilian (Shiwari & Shinwari, 2010), makroalga, jamur, protista dan bakteri.



Gambar 3. Posisi relatif DNA *barcode* terletak di antara genetika populasi dan filogenetika (Hajibabaei *et al.*, 2007). Setiap kotak kecil mewakili satu individu. Perbedaan warna menunjukkan perbedaan spesies dan perbedaan di dalam spesies ditunjukkan dengan variasi bayangan warna.

Frezal & Leblois (2008) merinci kegunaan DNA *barcode* sebagai berikut. (1) DNA *barcode* menjadi pendukung berbagai domain sains (misalnya ekologi, biomedik, epidemiologi, biologi evolusi, biogeografi, biologi konservasi, dan bio-industri). (2) DNA *barcode* meningkatkan kemampuan survai yang bertujuan untuk deteksi spesies dan identifikasi spesies patogen yang berperan dalam bidang medik, ekologi, dan agronomi. (3) Dapat mengenali,

mendeteksi, dan melacak keberadaan organisme paten pada agrobioteknologi atau untuk perlindungan hak kekayaan intelektual *bioresources*. (4) DNA *barcode* berguna untuk determinasi identitas taksonomi pada organisme yang telah rusak atau terfragmentasi seperti pada makanan dan ekstrak dalam perut, sehingga DNA *barcode* berguna bagi industri makanan, analisis diet, forensik, pencegahan perdagangan spesies *illegal* dan spesies yang membahayakan. (5) Identifikasi molekuler diperlukan jika tidak ada alat untuk membandingkan spesimen dewasa dengan spesimen *immature* (misalnya larva ikan, amfibi, coleoptera atau tahap seksual jamur), sementara karakter morfologinya tidak jelas digunakan untuk membedakan spesiesnya, atau spesies mempunyai daur hidup yang polimorf dan/atau menunjukkan plastisitas fenotip. Hajibabaei *et al.* (2007) menyimpulkan bahwa DNA *barcode* dapat memberikan kontribusi yang kuat untuk penelitian taksonomi dan keanekaragaman hayati, jika sekuens DNA *barcode* terakumulasi, maka data tersebut akan memberikan perspektif genomik 'horizontal' yang unik dengan implikasi luas.

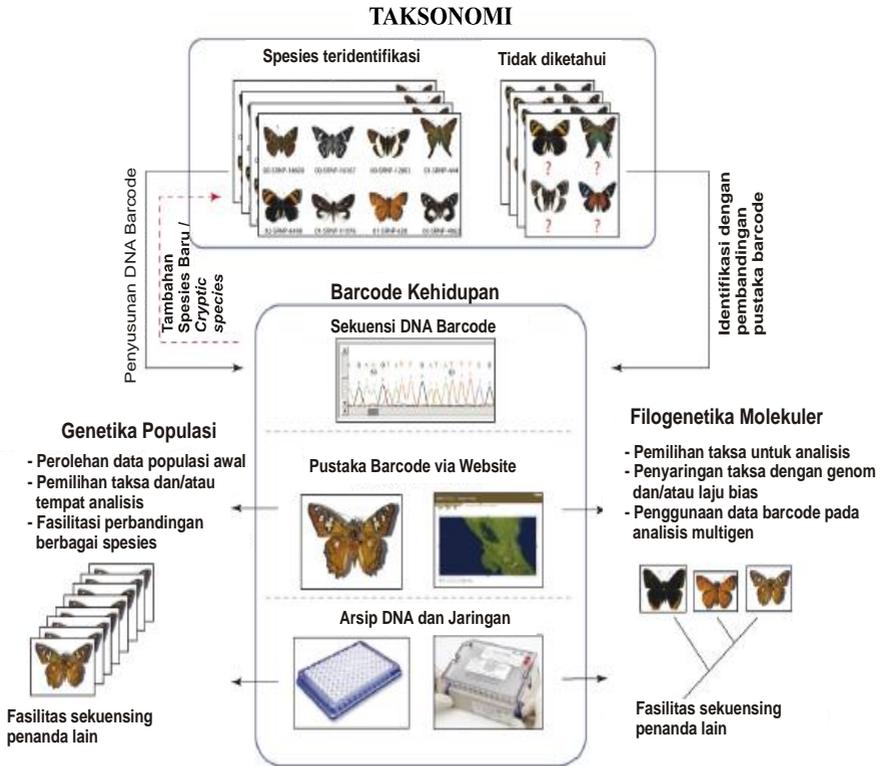
d. Alur kerja DNA *barcode*

Identifikasi spesies melalui DNA *barcode* biasanya dilakukan dengan pengambilan sekuens DNA pendek – sebagai ‘*barcode*’ – dari suatu bagian genom yang terstandar (yaitu wilayah gen yang spesifik) dari spesimen yang diteliti (sebagai contoh, lihat kembali Tabel 1.). Sekuens *barcode* dari masing-masing spesimen yang tidak diketahui kemudian dibandingkan dengan pustaka sekuens *barcode* yang berasal dari individu yang sudah diketahui identitasnya (Gambar 4). Pada gambar tersebut ditunjukkan diagram yang menunjukkan bagaimana pustaka DNA *barcode* dapat mendukung alur kerja taksonomi melalui *high-throughput identification* spesimen yang belum diketahui dan melalui bantuan pemberian gambaran spesies baru atau spesies *cryptic*. Sekuens-sekuens *barcode* dan data tambahan untuk setiap spesimen dapat diakses melalui database secara online (misalnya BOLD: <http://www.barcodinglife.org>). Informasi tersebut dapat berguna untuk konteks lain seperti filogenetika (proyek *Tree of Life*) dan kajian tingkat populasi. Sebagai tambahan, arsip DNA

dan jaringan spesimen dikoleksi oleh proyek *barcoding* guna menyediakan sumber daya untuk penelitian lain. Pada gambar tersebut ditunjukkan, sebuah spesimen dapat diidentifikasi jika sekuen cocok dengan salah satu pustaka *barcode*. Jika tidak, akan menjadi catatan sekuen *barcode* baru pada spesies tertentu (yaitu suatu haplotype baru atau varian geografis), atau dapat diduga sebagai suatu spesies baru (Hajibabaei *et al.*, 2007).

Prinsip Gambar 4., DNA *barcoding* berkontribusi terhadap penelitian taksonomi, genetika populasi, dan filogenetika. Pada taksonomi, DNA *barcoding* dapat digunakan untuk rutinitas identifikasi spesimen, juga untuk memperjelas atau memperkuat penelitian taksonomi yang komprehensif. Pada penelitian filogenetika, DNA *barcoding* dapat digunakan sebagai *starting point* untuk pemilihan taksa secara optimal, selain itu sekuen DNA *barcode* juga dapat ditambahkan kepada perangkat data sekuen untuk analisis filogenetika. Pada penelitian genetika populasi, DNA *barcoding* menyediakan suatu *first signal* untuk kajian divergensi populasi dan memfasilitasi kajian perbandingan diversitas populasi pada berbagai spesies.

Hajibabaei *et al.* (2007) berpendapat bahwa meskipun perannya dalam mengidentifikasi spesimen ke tingkat spesies cukup penting pada alur kerja taksonomi (Gambar 4), DNA *barcode* bukan pengganti untuk analisis taksonomi yang komprehensif. Sebagai contoh, apabila sebuah spesimen yang belum diketahui tidak ada catatan yang sesuai pada pustaka *barcode*, sekuen *barcode* tersebut tidak memenuhi syarat untuk menjadi spesies baru. Sebaliknya, spesimen perlu dianalisis taksonomi secara menyeluruh. Bila dilihat dalam konteks kerangka kerja taksonomi tradisional - yang biasanya jauh lebih lambat dibandingkan analisis *barcode* - spesimen tersebut sangat berpotensi menjadi temuan spesies baru. Dengan demikian, meskipun banyak keuntungan dari data molekuler, maka pemikiran kritis yang sistematis terus dikembangkan dalam taksonomi morfologi, terutama bagi kelompok kurang diketahui (Wiens, 2004).



Gambar 4. Komponen proyek *Barcode of Life* dan kontribusinya terhadap taksonomi, rekonstruksi filogeni molekuler dan penelitian genetika populasi (Hajibabaei *et al.*, 2007). Gambar kupu-kupu diambil dari database Daniel Janzen and Winnie Hallwachs (<http://janzen.sas.upenn.edu/>).

Pembandingan Hasil Kajian Morfologi dan Molekuler

Pada bagian sebelumnya, dapat diketahui bahwa pendekatan morfologi maupun molekuler sebenarnya sama-sama mempunyai kelebihan maupun kekurangan dalam proses kerjanya, maupun pada hasil yang diperolehnya. Permasalahan lain yang ditemukan pada hasil yang didapatkan dari kedua pendekatan

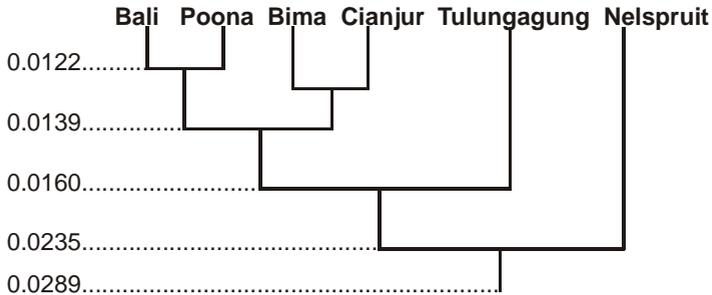
tersebut dicontohkan berikut ini. Pada kajian filogenetika molekuler, permasalahan pada hasil yang ditemukan adalah sangat kecilnya jumlah sekuen dibandingkan jumlah total genom, acaknya perubahan sekuen DNA, netralitas evolusi molekuler, perbedaan laju perubahan karakter, dan ketiadaan jam molekuler yang universal. Didukung pendapat berbagai ahli, DeSalle (2006) menyatakan bahwa tidak cukup kuat bukti jika sekuen pendek DNA digunakan sebagai karakter untuk diagnostik karakter. Spesies harus didiagnosis melalui berbagai karakter yang berbeda dan tetap. Ditandakan pula, informasi sekuen DNA tanpa dukungan bukti lain, tidak akan dapat digunakan sendiri sebagai indikator delimitasi spesies. Begitu pula dengan kajian morfologi, hasilnya tidak dapat digunakan sendiri tanpa dukungan bukti-bukti lain. Hal ini yang menyebabkan hipotesis tentang unit spesies memerlukan pengujian sains. Jika hanya dilihat dari sekuen DNA kemudian suatu organisme disebut sebagai suatu spesies tanpa pengujian suatu hipotesis secara menyeluruh, akan dikesampingkan oleh ahli sains dalam taksonomi. Sekuen DNA akan dapat digunakan untuk taksonomi dan delimitasi spesies jika didukung bukti-bukti lain untuk memperkuat hipotesis atau sebagai *starting point* untuk pengujian lebih lanjut dengan bantuan berbagai cara lainnya.

Pembandingan data molekuler dan morfologi juga akan menghindari dari ‘kesesatan’. Wiens (2004) memberikan contoh, yang akan dipaparkan berikut ini. Sites *et al.* (1996) menunjukkan filogeni kadal iguanid berdasarkan urutan mtDNA dari gen ND4, yang ternyata bertentangan dengan *pohon kehidupan* yang didasarkan pada morfologi (de Queiroz, 1987). Sumber penting inkongruensinya adalah posisi *Cyclura*. Data ND4 menempatkan *Cyclura* pada posisi dasar *pohon* iguanid, sedangkan data de Queiroz menempatkan *Cyclura* bersama iguana. Studi morfologi berikutnya dengan menggunakan banyak karakter tambahan, ternyata sangat mendukung clade *Cyclura* + Iguana (Hollingsworth, 1998). Analisis yang didasarkan pada dua perangkat data mtDNA tambahan memberikan hasil yang bertentangan, yaitu sitokrom b mendukung *pohon* berdasar ND4 (Petren dan Case, 1997), sedangkan sekuen ribosom (12S, 16S)

mendukung clade *Cyclura* + *Iguana* (Rassmann, 1997). Analisis lebih lanjut dan parametrik simulasi (Wiens dan Hollingsworth, 2000) menunjukkan bahwa penempatan dasar *Cyclura* kemungkinan berdasar pada artefak *long-branch attraction* di antara gen-gen pengkode protein yang cepat berkembang di antara keduanya, yang berhubungan dengan laju percepatan perubahan dalam gen *Cyclura*. Nampaknya masalahnya terdapat pada sitokrom b yang mempunyai tingkat divergensi lebih tinggi (Meyer, 1994). Dari hasil tersebut diperoleh beberapa hal menarik: (1) ketidaksesuaian hasil antara dua perangkat data molekuler, dan analisis gabungan dari ketiga perangkat data molekuler oleh *long-branch attraction*; (2) *long-branch attraction* bisa menimbulkan masalah bahkan dalam sampel kelompok spesies berkerabat dekat, dan (3) analisis data molekuler semata, nampaknya menyebabkan kesalahan penempatan filogenetika *Cyclura*, yang terdeteksi karena ketidakcocokan dengan analisis filogenetika morfologi.

Contoh lain yang memerlukan kajian lebih lanjut adalah hasil penelitian Zubaidah (2004) yang menunjukkan bahwa analisis gen 16S rDNA bakteri *Liberibacter asiaticus* dari empat daerah di Indonesia (Bali, Bima, Cianjur, dan Tulungagung), dibandingkan dengan *type strain L. asiaticus* strain Poona (India) dan *L. africanus* strain Nelpruit (Afrika Selatan), menghasilkan dendrogram hubungan kekerabatan seperti ditunjukkan pada Gambar 5. Dendrogram tersebut menunjukkan bahwa berdasarkan sekuens 16S rDNA, bakteri CVPD dari Bali mempunyai hubungan kekerabatan dengan bakteri strain Poona dengan jarak 0,0122. Bakteri dari Bima mempunyai hubungan kekerabatan dengan bakteri dari Cianjur dengan jarak 0,0139. Bakteri kelompok Bali dan India mempunyai hubungan kekerabatan dengan bakteri kelompok Bima dan Cianjur dengan jarak 0,0160. Kelompok bakteri Bali, Poona, Bima, dan Cianjur, mempunyai hubungan kekerabatan dengan bakteri dari Tulungagung dengan jarak sebesar 0,0235. Bakteri dari Bali, Poona, Bima, Cianjur dan Tulungagung merupakan satu kelompok yang mempunyai hubungan kekerabatan dengan bakteri strain Nelspruit dengan jarak sebesar 0,0289. Hal tersebut sebenarnya menunjukkan 'keanehan'. Secara logis, bakteri yang berasal sama-sama dari Indonesia sebenarnya berpeluang

lebih dekat kekerabatannya karena mendiami wilayah yang lingkungannya tidak jauh berbeda bila dibandingkan dengan bakteri asal Poona (India). Namun demikian, analisis gen tersebut menunjukkan justru bakteri dari Bali lebih berkerabat dengan bakteri dari Poona (India).



Gambar 5. Dendrogram hubungan kekerabatan bakteri dari Bali, Bima, Cianjur, Tulungagung, Poona (India), dan Nelspruit (Afrika Selatan) berdasarkan analisis sekuens 16S rDNA

Pembandingan juga telah dilakukan untuk macam organisme yang lain, dengan hasil yang beragam seperti contoh berikut. Galimberti *et al.* (2010) mengkaji spesies-spesies kelelawar di Italia yang telah teridentifikasi dengan pendekatan morfologi, kemudian dibandingkan dengan data molekuler (DNA *barcoding*) menggunakan sekuens *coxI*. Hasilnya menunjukkan bahwa kedua pendekatan identifikasi mempunyai koherensi yang kuat untuk hampir semua spesies yang diteliti; DNA *barcoding* mempunyai reliabilitas tinggi dan efisien untuk pembedaan spesies-spesies kelelawar tersebut. Hasil tersebut serupa dengan Pereira *et al.* (2010), bahwa analisis morfologi dan molekuler ternyata meningkatkan penilaian tentang keanekaragaman dan pengembangan taksonomi nematoda laut. Agak berbeda dengan kedua hasil tersebut, Spooner (2009) menggunakan DNA *barcoding* dengan ITS (*internal nontranscribed spacer of nuclear ribosomal DNA*), gen *trnH-psbA*, dan *matK*, ternyata tidak berhasil

membedakan antar spesies pada marga *Petota* (kentang liar). Hal tersebut disebabkan ITS mempunyai terlalu banyak variasi intraspesifik dan penanda plastid kurang memiliki cukup polimerfisme. Dinyatakan bahwa ternyata penggunaan DNA *barcoding* dalam hal ini kurang cukup untuk delimitasi spesies. Contoh lain, Kadkhodaei *et al.* (2011) membandingkan matriks similaritas antara data yang diperoleh dengan data morfologi dan data molekuler tanaman almond di Iran. Hasilnya menunjukkan koefisien korelasi yang rendah antara dua macam data tersebut, namun demikian para peneliti dapat mengetahui adanya keanekaragaman genetik sebagai dasar seleksi untuk pembentukan kultivar baru, konservasi dan program pemuliaan.

Pembandingan data molekuler untuk taksa hidup dan data morfologi untuk taksa fosil juga pernah dilakukan Wiens (2009, 2010) melalui serangkaian simulasi kombinasi data dengan tujuan meningkatkan akurasi filogenetik secara tidak langsung. Selanjutnya dilakukan pembandingan sebelum dan sesudah ditambahkan data molekuler, yang hasilnya cukup beragam. Pertama, akurasi taksa fosil mengalami **peningkatan** dengan penambahan data molekuler sampai 100%. Kedua, **tidak terjadi peningkatan** akurasi karena taksa fosil jauh lebih banyak dibandingkan taksa hidup dalam analisisnya. Ketiga, terdapat beberapa kasus di mana akurasi justru mengalami **penurunan** secara signifikan dengan penambahan data molekuler. Dengan demikian jelas bahwa kombinasi data morfologi dan molekuler hasilnya terentang dari akurasi tinggi sampai rendah, namun secara umum menunjukkan peningkatan potensi untuk rekonstruksi filogenetik taksa fosil.

Sudut Pandang Genetika terhadap Taksonomi

Pada bagian sebelumnya telah kita ketahui bahwa terdapat ‘hiruk pikuk’, perbedaan pendapat atau pandangan mengenai dasar yang dapat digunakan untuk taksonomi makhluk hidup. Semua pandangan tersebut tidak dapat dilepaskan dari genetika. Seperti telah dijelaskan pada awal tulisan ini, genetika mendasari segala ilmu hayati termasuk taksonomi, baik taksonomi yang berpegang pada pendekatan morfologi maupun pendekatan molekuler.

Dukungan atau penjelasan dari sudut ilmu genetika tentang kedua pendekatan tersebut akan dipaparkan pada bagian ini, yang diambil pada berbagai bagian dari tulisan Corebima (1997, 2011) berdasarkan referensi-referensi pendukung.

Morfologi adalah salah satu bentuk fenotip makhluk hidup, selain fisiologi dan tingkah laku, sebagai suatu kenampakan makhluk hidup. Selain fenotip, makhluk mempunyai genotip, yaitu konstitusi genetik yang telah diwarisi makhluk hidup. Fenotip juga diartikan sebagai “*karakter-karakter yang dapat diamati pada suatu individu (yang merupakan hasil interaksi antara genotip dan lingkungan tempat hidup dan berkembang)*”; dan genotip diartikan sebagai “*keseluruhan jumlah informasi genetik yang terkandung pada suatu makhluk hidup*”, ataupun “*konstitusi genetik dari suatu makhluk hidup dalam hubungannya dengan satu atau beberapa lokus gen yang sedang menjadi perhatian*”. Selama hidupnya suatu makhluk hidup, fenotip dapat berubah tetapi genotip tetap konstan.

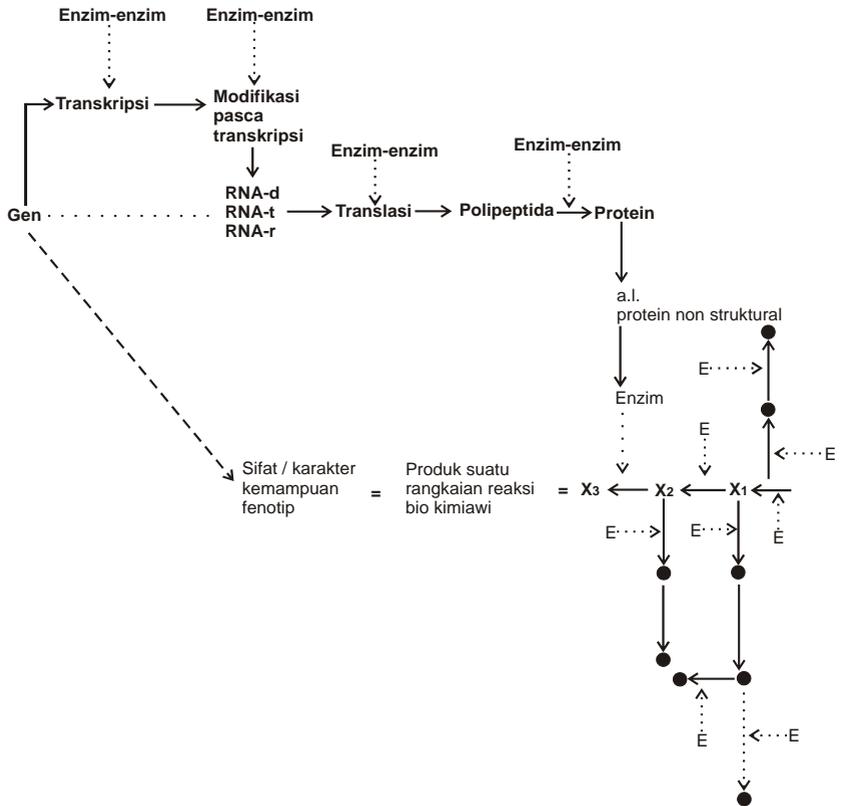
Penampakan morfologi yang merupakan fenotip dari suatu organisme adalah hasil proses metabolisme yang terjadi di dalam setiap sel penyusun organisme tersebut. Keragaman morfologi di antara individu anggota suatu populasi sangat tergantung dari keragaman proses dan hasil metabolisme yang terjadi pada masing-masing individu, misalnya perbedaan warna bunga dari satu varietas dengan varietas lain tergantung dari proses metabolisme yang terjadi di dalam sel dari varietas yang bersangkutan. Proses metabolisme di dalam sel merupakan reaksi biokimia yang dikatalisis oleh enzim tertentu, sehingga keragaman proses dan hasil metabolisme ditentukan oleh enzim yang terlibat dalam reaksi tersebut. Keragaman enzim (baik struktur maupun susunan asam aminonya) itu sendiri sangat ditentukan oleh susunan cetaknya yaitu DNA. Ruas DNA yang menjadi cetakan untuk mensintesis enzim (protein) disebut dengan **gen**, sehingga gen merupakan pengendali proses metabolisme atau pengendali kehidupan. Keragaman morfologi suatu organisme merupakan penampakan keragaman gen-gennya.

Gen adalah suatu segmen DNA yang terlibat dalam pembentukan suatu rantai polipeptida; termasuk daerah yang mendahului dan mengikuti daerah pengkode (*leader* dan *trailer*)

maupun sekuen *intervening* (intron) di antara segmen pengkode (exon) (Lewin, 1998). Keseluruhan atau sebagian dari segmen DNA tersebut dapat diurutkan, dan urutan atau sekuen DNA itulah yang dijadikan dasar oleh taksonom molekuler terutama melalui DNA *barcoding*-nya.

Seperti telah dipaparkan, karakter atau sifat ditentukan oleh unit karakter yang disebut faktor (gen). Karakter atau sifat tersebut muncul sebagai produk rangkaian reaksi biokimiawi, yang setiap tahap reaksinya dikatalisasi oleh enzim; dan protein enzim itu tersusun dari polipeptida–polipeptida yang pembentukannya dikontrol oleh faktor (gen). Terdapat karakter atau sifat makhluk hidup yang dikontrol oleh hanya satu faktor (gen), karakter atau sifat yang dikontrol oleh lebih dari satu faktor (gen), dan ada pula faktor yang ternyata mengontrol lebih dari satu karakter (sifat).

Perhatikan Gambar 6. Pada gambar itu terlihat bahwa bagan reaksi biokimiawi merupakan reaksi yang bercabang-cabang. Satu hasil reaksi di suatu tahap akan menjadi substrat pada tahap reaksi berikutnya. Dalam hubungan ini konsepsi yang menyatakan bahwa karakter (sifat) ditentukan oleh satu unit karakter (faktor atau gen) dipandang benar dalam batas tingkat (tahap) reaksi biokimiawi tertentu yang memunculkan karakter (sifat) seperti termaksud. Namun demikian, “*Harus digaris-bawahi bahwa gen-gen tidak bekerja dalam keadaan terisolasi (sendiri-sendiri). Fenotip akhir dari suatu makhluk hidup merupakan hasil dari kerja, dan interaksi antara sejumlah besar gen*”. Pada dasarnya sifat atau kemampuan (fenotip) apapun dikendalikan oleh lebih dari satu gen (pada lokus yang berbeda), tersebar atau tidak tersebar. Dengan demikian sifat atau kemampuan (fenotip) apa pun, sesungguhnya adalah hasil interaksi antara gen (pada lokus yang berbeda) pada mekanisme ekspresinya.



Gambar 6. Contoh bagan urutan reaksi biokimiawi pada sel eukariotik yang memperlihatkan bagaimana faktor (gen) mengontrol karakter makhluk hidup (Corebima, 1997).

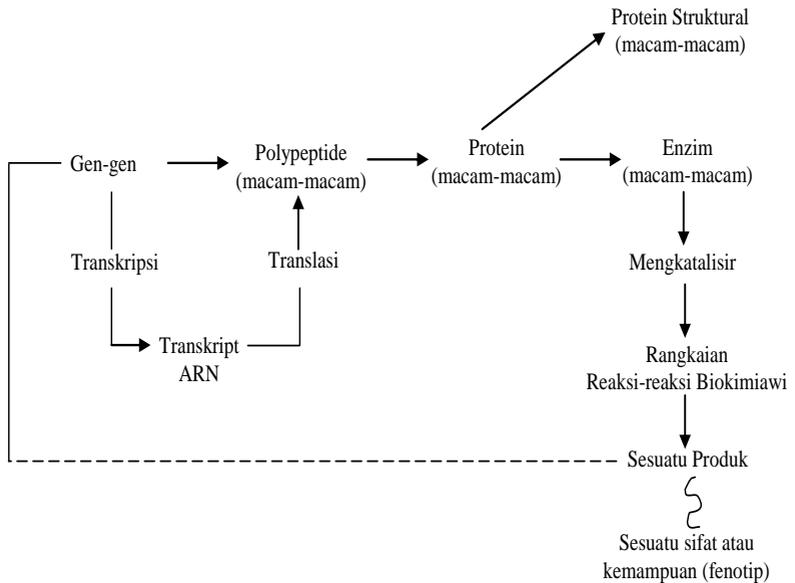
Karakter atau sifat individu makhluk hidup menunjukkan variasi yang tinggi, yang kemudian dikelompok-kelompokkan dalam taksonomi. Di antara individu-individu sejenis atas dasar sifat-sifat tertentu yang dimiliki, dikenal dua macam variasi yaitu variasi terputus-putus (*discontinuous variation*) dan variasi tidak terputus-putus (*continuous variation*). Pada variasi yang terputus-putus berdasarkan sifat-sifat tertentu, individu-individu sejenis mudah dibedakan dalam kelompok-kelompok yang terlihat

berbeda tegas satu sama lain; sedangkan pada variasi yang tidak terputus-putus, berdasarkan sifat-sifat tertentu yang lain, individu-individu sejenis tidak mudah dibedakan dalam kelompok-kelompok karena batas antara kelompok tidak tegas. Sifat yang memperlihatkan variasi yang tidak terputus-putus disebut juga sebagai sifat kuantitatif (*quantitative traits*). Variasi sifat atau karakter yang dapat diindra inilah yang digunakan oleh taksonom dengan pendekatan morfologi dalam kerjanya.

Terdapat hipotesis bahwa variasi yang tidak terputus-putus dijumpai pada tiap sifat yang dikontrol oleh beberapa faktor (gen), atau bahkan oleh banyak faktor (gen) sekaligus; dan tiap faktor (gen) termaksud memiliki efek kumulatif. Dalam hubungan ini terlihat pula bahwa tiap faktor secara individual mempunyai sedikit peranan terhadap sesuatu sifat, tetapi bersama faktor lain secara kumulatif akan mengontrol suatu sifat bersama sehingga “tampak” berkisar dalam satu rentangan. Faktor-faktor yang demikian disebut *polygene*. Sesuatu sifat atau kemampuan (fenotip) apa pun sebenarnya **tidak hanya** ditentukan oleh ekspresi gen-gen (pada lokus yang berbeda) yang saling berinteraksi; akan tetapi ditentukan pula oleh kondisi lingkungan yang melingkupi seluruh proses ekspresi gen-gen tersebut. Secara umum, mekanisme gen mengendalikan sifat atau kemampuan (fenotip) ditunjukkan pada Gambar 7.

Pada Gambar 7, terungkap aneka ragam peristiwa yang lain; dan tiap peristiwa itu sesungguhnya adalah tahap-tahap reaksi biokimia. Dalam hubungan ini peristiwa transkripsi dan translasi, masing-masingnya sudah merupakan proses rumit yang secara teknis merupakan reaksi biokimia tersendiri. Demikian pula pembentukan protein dari polipeptida (jika protein itu tidak hanya terdiri dari satu polipeptida). Protein berubah menjadi enzim juga tergolong reaksi biokimia; dan pada akhirnya rangkaian reaksi-reaksi biokimia seperti yang jelas tertulis (terbaca) pada bagan itu. Berpegang pada telaah terakhir ini, makin jelas terlihat bahwa, jumlah gen yang mengendalikan sesuatu sifat atau kemampuan (fenotip), sesungguhnya banyak dan mungkin sangat banyak; dan bahkan barangkali dapat dikatakan pula bahwa tidak ada satupun

sifat atau kemampuan (fenotip) makhluk hidup yang dikendalikan hanya oleh satu gen.

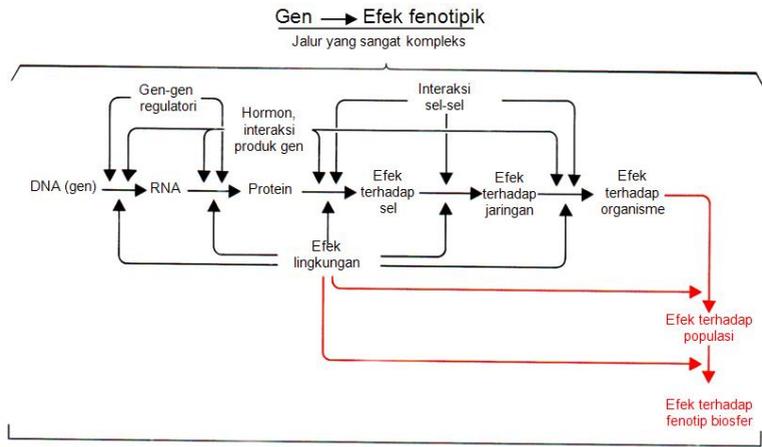


Gambar 7. Bagan umum rangkuman tentang mekanisme gen-gen mengendalikan sesuatu sifat atau kemampuan (fenotip) (Corebima, 2011).

Secara faktual metabolisme dalam sel adalah proses-proses reaksi biokimia yang terjadi susul-menyusul, melalui urutan-urutan reaksi kimia; tiap tahap reaksi kimia itu dikatalisasi oleh suatu enzim spesifik di bawah kontrol gen. Dalam hubungan ini secara sederhana dapat dinyatakan bahwa alur kontrol gen terhadap reaksi biokimia dalam sel (metabolisme) adalah gen mengontrol pembentukan polipeptida (protein) enzim, sebagai katalisator tiap tahap reaksi biokimia. Pada sudut pandang tertentu produk reaksi biokimia itu adalah tampilan fenotip dari ekspresi gen.

Pada Gambar 8. ditunjukkan alur kontrol atau bagian dari ekspresi gen (pada tumbuhan dan hewan tinggi) dalam tampilan

yang lebih rumit. Untuk tumbuhan dan hewan bersel satu maupun makhluk hidup aseluler, bagan pada Gambar 8. itu harus dimodifikasi. Sebagai gambaran, untuk hewan dan tumbuhan bersel satu, tentu saja fenotip terakhir adalah efek pada sel; sedangkan untuk makhluk hidup aseluler, fenotip terakhir bukanlah efek pada sel tetapi pada struktur/partikel aseluler.



Gambar 8. Jalur kompleks pada tumbuhan dan hewan tinggi, yang bermula dari gen menuju ke fenotip yang dipengaruhi oleh gen itu (Corebima 2011, memodifikasi Gardner, dkk., 1991).

Alur kontrol atau bagian dari ekspresi gen seperti tersebut (pada makhluk hidup seluler maupun aseluler) dapat dipilah-pilah menjadi tahap-tahap ekspresi gen. Tahap ekspresi gen yang pertama adalah transkripsi dan tahap yang kedua adalah translasi. Dengan demikian jika diperhatikan bagan pada Gambar 8., maka tahap ekspresi gen yang pertama tersebut adalah antara DNA (gen) → RNA; dan tahap yang kedua adalah antara RNA → protein. Selepas tahap kedua ekspresi gen tersebut, masih ada tahap-tahap ekspresi gen lanjutan. Pada makhluk hidup eukariotik bersel banyak (tumbuhan dan hewan tinggi), maupun yang prokariotik

atau yang eukariotik bersel satu, tahap ke tiga adalah antara protein → efek pada sel. Pada makhluk hidup aseluler, tahap ke tiga adalah antara protein → efek pada struktur/partikel aseluler. Pada makhluk hidup prokariotik, yang eukariotik bersel satu maupun yang aseluler, tahap ke tiga ini sekaligus merupakan tahap terakhir dari ekspresi gen. Setelah tahap ke tiga masih ada tahap keempat dan kelima, tetapi kedua tahap ini hanya ditemukan pada makhluk hidup bersel banyak (tumbuhan dan hewan tinggi). Tahap keempat ekspresi gen pada kelompok makhluk hidup tersebut adalah antara efek pada sel → efek pada jaringan; dan tahap kelima adalah antara efek pada jaringan → efek pada organisme (Perhatikan kembali Gambar 8.).

Keseluruhan tahap ekspresi gen maupun tiap tahap ekspresi gen adalah proses metabolisme; dan dengan demikian sebagaimana yang telah dikemukakan keseluruhan tahap maupun tiap tahap ekspresi gen itu hanya terdapat satu macam proses reaksi biokimia. Hal yang lebih realistik dibayangkan adalah bahwa pada tiap tahap ekspresi gen itu terdapat lebih dari satu (mungkin banyak) macam proses reaksi biokimia; dan setiap proses reaksi biokimia selalu dikontrol oleh gen-gen tertentu yang terkait dalam hubungannya dengan peranan enzim sebagai katalisator. Oleh karena itu jika tahap-tahap ekspresi gen (Gambar 8.) ditampilkan berupa berbagai macam proses reaksi biokimia yang dilengkapi enzim-enzim maupun gen-gen yang terkait, sudah tidak dapat lagi dibayangkan bagaimana rumitnya tampilan tersebut; dan sebenarnya memang demikianlah keseluruhan proses ekspresi gen, atau (pada sudut pandang lain) memang demikianlah proses reaksi biokimia metabolisme.

Para hadirin yang saya hormati,

Jika kita mempelajari berbagai hal yang terkait dengan genetika (dan mungkin pada ilmu lain), akan sering kita dapatkan pada referensi-referensi yang kita baca, terdapat kalimat-kalimat seperti “*The genetic basis of ... is still largely unknown*”, “*The function of ... is still unknown. It is also unclear ...*”, “*The genetic basis is still not well understood....*”, “*.... These processes are*

still unclear.”, dan semacamnya. Hal tersebut paling tidak bisa kita ketahui dengan melihat rumitnya proses terjadinya atau munculnya morfologi yang beranekagam seperti telah dipaparkan (yang mungkin juga masih sulit dipahami karena kompleksnya) dan masih banyaknya hal yang tidak atau belum dipahami bahkan belum terungkap. Hal-hal tersebut seharusnya menjadikan kita berpikir, betapa **sedikit yang kita ketahui**. Itulah sebabnya, kita harus tetap belajar memahami bagaimana penciptaan alam ini. Bahwa pengetahuan kita sangat sedikit, memang demikianlah adanya, dan hal tersebut sudah tercantum seperti ayat berikut.

“... dan tidaklah kamu diberi pengetahuan melainkan sedikit” (QS. Al-Isra’: 85).

“Dan seandainya pohon-pohon di bumi menjadi pena dan lautan menjadi tinta, ditambahkan kepadanya tujuh lautan lagi setelah keringnya, niscaya tidak akan habis-habisnya dituliskan kalimat-kalimat Allah. Sesungguhnya Allah Mahaperkasa, Mahabijaksana” (QS. Luqman: 27).

Taksonomi Integratif: Pendekatan yang Lebih Komprehensif

a. Taksonomi intergratif

Taksonomi integratif merupakan sebuah cara untuk mengintegrasikan taksonomi tradisional dan DNA *barcode* (Pires & Marinoni, 2010). Taksonomi integratif sebagai jalan tengah adanya inkonsistensi dari perdebatan yang melibatkan DNA versus morfologi. Pada taksonomi integratif, pentingnya morfologi diakui dan revitalisasi taksonomi tradisional dicapai dengan penambahan teknologi untuk mengatasi hambatan taksonomi. Taksonomi integratif juga didasari pemikiran bahwa hambatan-hambatan dalam taksonomi diharapkan dapat diatasi dengan adanya berbagai kemajuan teknologi, seperti akses virtual ke museum koleksi, *high-throughput DNA sequencing*, tomografi komputer, sistem informasi geografis, dan beberapa fungsi dari internet (Vogler & Monaghan, 2007). Informasi taksonomi sudah didigitalkan dan tersedia melalui beberapa inisiatif global, seperti Species2000, The Encyclopaedia of Life (EOL), The Global Biodiversity Information Facility (GBIF), atau ZooBank. Diharapkan masa depan menjadi sebuah "cybertaxonomy" interaktif dengan deskripsi *online* dan

publikasi spesies baru yang dinamis, dan tempat di mana informasi taksonomi akan dapat diperbarui dan diakses semua orang dari manapun (Schram, 2004).

b. Mengapa taksonomi integratif

Taksonomi integratif ditujukan untuk menjawab dua tantangan utama taksonomi (Padial *et al.*, 2010), yaitu tantangan kualitatif dan tantangan kuantitatif. Tantangan kualitatif adalah untuk pencapaian konsensus ilmiah tentang kategori dasar bangunan taksonomi - spesies - dan selanjutnya melakukan delimitasi spesies. Tantangan kuantitatif, adalah banyaknya spesies di bumi yang membutuhkan penemuan dan deskripsi, diperkirakan sedikitnya 10 juta eukariot, dan baru sebagian kecil yaitu sekitar 2 juta yang sudah diberi nama (May & Harvey, 2009). Pendekatan yang paling menjanjikan untuk delimitasi dan identifikasi spesies adalah mengintegrasikan berbagai informasi pada kajian yang sama (Seppa *et al.*, 2011).

Dayrat (2005) menyatakan bahwa pendekatan integratif pada bidang taksonomi diperlukan karena kompleksitas biologi suatu spesies membutuhkan pembatasan spesies yang dipelajari dari berbagai perspektif. Tingkat kepercayaan juga akan didukung jika didasarkan atas bermacam data dibandingkan jika hanya berdasar satu macam data saja. Berbagai metode yang ada untuk delineasi spesies memerlukan berbagai data tersebut. Kolaborasi berbagai disiplin ilmu seperti filogeografi, anatomi perbandingan, genetika populasi, ekologi dan biologi perilaku harus menjadi praktek standar dalam taksonomi. Secara ideal, tugas taksonomi terutama identifikasi seharusnya dapat dilakukan dengan mudah dan efisien karena pengguna seperti farmasi, fisiologi, konservasi biologi dan ekologi, perlu untuk melakukan identifikasi spesies.

Taksonomi integratif dimunculkan karena sangat dibutuhkan alat identifikasi yang sederhana dan dapat diandalkan membantu memecahkan perselisihan terbaru atas 'DNA *barcode*'. Menurut Hajibabaei (2007), pendukung DNA *barcode* (misalnya Hebert *et al.*, 2003; Tautz *et al.*, 2003; Blaxter, 2004; Gaston & O'Neill, 2004) berpendapat bahwa urutan DNA dari satu (atau beberapa gen tertentu) harus digunakan untuk identifikasi spesies,

berdasarkan gagasan bahwa setiap spesies memiliki urutan 'diagnostik' sendiri, yaitu adanya suatu mutasi pasangan basa yang unik, yang mungkin mempunyai beberapa variasi pada suatu urutan DNA tersebut. Pada kasus di mana dapat ditunjukkan adanya urutan penanda molekuler tertentu yang dapat disediakan lebih cepat dan lebih dapat diandalkan daripada identifikasi morfologi, maka tidak ada alasan untuk tidak menggunakan data molekuler. Namun demikian, dalam kasus di mana data morfologi dapat disediakan lebih cepat dan lebih dapat diandalkan, maka tidak ada alasan untuk membuang data morfologi. Kedua sistem identifikasi tidak harus dilihat sebagai saling bersaing atau eksklusif, tetapi lebih sebagai pendekatan untuk tujuan yang sama yang hanya berbeda dalam karakter yang dimanfaatkan.

Sistem identifikasi berbasis DNA hanya dapat bekerja jika urutan 'diagnostik' semua spesies terdapat dalam database. Database yang tidak lengkap hanya akan dapat menentukan apakah urutan DNA yang diberikan pengguna, berbeda dari urutan lain yang sudah tersimpan. Hasil tersebut tidak akan mengidentifikasi spesimen tersebut sendiri dan tidak akan secara otomatis menyiratkan bahwa spesimen tersebut adalah suatu spesies baru. Hal tersebut merupakan 'peringatan' bahwa, pada semua tahapan identifikasi, sistem identifikasi berbasis DNA akan bergantung pada keahlian taksonom 'non-DNA'. Namun demikian, pertanyaan yang paling mendasar dari taksonomi bukan cara untuk mengidentifikasi spesies, melainkan bagaimana **delineasi** mereka.

Istilah *barcoding* menjelaskan bahwa DNA digunakan sebagai suatu *barcode* untuk identifikasi spesies, namun demikian untuk menemukan suatu *barcode* unik untuk identifikasi spesies tertentu, ahli biologi molekuler harus tahu spesies yang dikaji. Biasanya yang telah ditentukan sebelumnya oleh taksonom berdasarkan kriteria morfologi. Alternatif lain seharusnya konsep spesies morfologi secara penuh diabaikan dan kajian keanekaragaman didasarkan pada keanekaragaman sekuen DNA. Permasalahan DNA *barcoding* pada deskripsi spesies baru, andaikata *barcode* spesies pada genus tertentu sudah diketahui, apakah spesimen baru dengan *barcode* berbeda akan dikatakan sebagai spesies yang baru? Jawabnya adalah tidak, karena konsep

spesies bervariasi yaitu memerlukan anggota-anggota individu yang mempunyai *clear gap* karakter tertentu, yang berbeda dengan karakter morfologi dan biologi, dan atau yang berasal dari suatu *common ancestor*. *Barcoding* semata mungkin menunjukkan adanya *clear gap* pada satu karakter. *Barcoding* tidak dapat menentukan dengan jelas hubungan kekerabatan di antara tingkatan divergensi genetik dan reproduktif pada entitas yang terisolasi. Data molekuler dapat sangat berguna pada kasus suatu spesies yang menunjukkan variabilitas morfologi di bawah kondisi lingkungan karena DNA tidak dipengaruhi oleh lingkungan, oleh karenanya *barcoding* tidak dapat digunakan untuk menjawab semua kasus. *Barcoding* memang dapat dibandingkan dengan cepat sekuen baru dan yang sudah diketahui dan menentukan jumlah similaritas atau divergensi di antara spesimen atau populasi atau spesies, tetapi *barcoding* tidak dapat menentukan “apakah suatu spesies”?

Donoghue & Sanderson (1992) menyatakan bahwa adalah suatu kesalahan apabila rekonstruksi filogeni mengesampingkan data morfologi dan hanya didasarkan pada bukti molekuler semata. Integrasi data mikromorfologi dan data molekuler telah memperkuat filogeni angiospermae. Data molekuler telah mendukung kelompok monofil yang dikenali berdasarkan morfologi, sehingga mengkombinasikan perangkat data adalah hal yang terbaik. Karakter morfologi dan molekuler masing-masing mempunyai kelebihan dan kekurangan jika digunakan dalam rekonstruksi filogeni atau penilaian variasi di antara populasi. Adanya perbedaan-perbedaan tersebut, meningkatkan penggunaan kedua tipe data tersebut untuk memaksimalkan sejumlah informasi, oleh karenanya akan semakin memperkuat estimasi hubungan kekerabatan. Kedua macam data tersebut berperan penting dalam memperjelas pengetahuan sejarah evolusi dan filogeni.

Data molekuler, khususnya data sekuen DNA berguna untuk kajian filogenetika didasarkan pada asumsi bahwa similaritas antara genom individu dapat membantu taksonomi kekerabatan di antara spesies. Data molekuler hanya mempunyai sedikit permasalahan dengan konvergensi dan homologi adaptif, dan dapat mengidentifikasi pola evolusi di antara taksa yang tidak

dapat dibedakan, misalnya karena jarak garis keturunan yang cukup jauh (Wiens, 2004). Namun demikian, perbedaan kecepatan evolusi genom dapat menghasilkan rentangan yang cukup luas pada kemungkinan hubungan kekerabatan. Permasalahan perangkat data molekuler individu juga dapat dideteksi dengan cara perbandingan dengan data molekuler lain. Mungkin juga terdapat kasus-kasus di mana perangkat data molekuler dapat memberikan jawaban yang salah (misalnya, sekuensing gen-gen yang berbeda pada *misidentified specimen*). Lebih lanjut, gen-gen yang terkait dengan ciri morfologi yang tertentu harus dikumpulkan sebanyak mungkin informasinya, karena karakter yang diberikan oleh perangkat data molekuler seringkali dihubungkan dan diwariskan sebagai satu unit (yakni, posisi nukleotida dalam gen tunggal).

Beberapa taksonom sama sekali mengabaikan pendekatan morfologi namun secara penuh menggunakan pendekatan molekuler, padahal kajian molekuler semata seringkali hanya memunculkan organisme yang berpotensi sebagai spesies baru yang harus dibenarkan oleh pendekatan terintegrasi dengan menggunakan tipe data yang lain (Luc *et al.*, 2010), seperti data ekologi, fisiologi, tingkah laku dan lainnya, termasuk data morfologi. Data molekuler dapat sangat berguna untuk petunjuk identitas dan kekerabatan di antara spesies, tetapi keanekaragaman keseluruhan organisme dan interaksinya dengan lingkungannya tidak dapat dikurangi oleh keanekaragaman sekuen DNA.

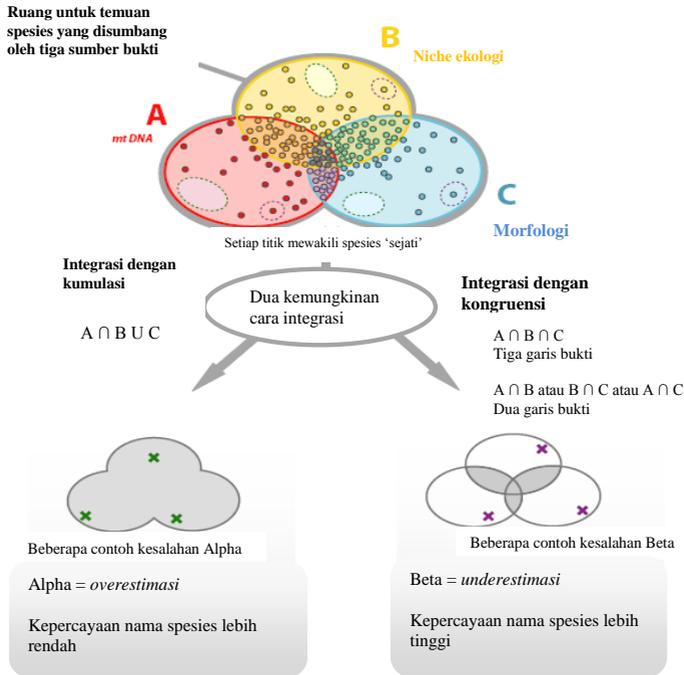
DeSalle (2006) juga menjelaskan bahwa pada evaluasi informasi perangkat suatu data, tidak cukup untuk menghitung semua karakter atau sebagian karakter – namun penting untuk mempelajari sejumlah karakter yang relevan terhadap permasalahan yang dikaji. Hasil-hasil yang ditunjukkan oleh suatu kriteria yang diaplikasikan, perangkat data morfologi tidak akan dijumpai sebagai data yang lebih kecil atau kurang bila dibandingkan dengan perangkat data molekuler. Kombinasi analisis molekuler dan struktural mungkin akan memberikan hasil yang lebih baik dalam pohon filogeni. Meski dinyatakan bahwa perangkat data morfologi lebih homoplasi dibandingkan perangkat data DNA, jika dikombinasikan dengan perangkat data molekuler

akan menghasilkan filogenetika yang lebih kuat dibandingkan dengan kedua macam perangkat data tersebut jika digunakan sendiri-sendiri.

c. Alur kerja taksonomi integratif

Padial *et al.* (2010) menunjukkan dua macam kerangka kerja taksonomi integratif, yaitu "integrasi dengan kongruensi" dan "integrasi dengan kumulasi" beserta kelebihan dan keterbatasannya (Gambar 9). Integrasi dengan kumulasi mengidentifikasi batas spesies dengan divergensi pada satu atau lebih karakter taksonomi yang tidak selalu *overlapping* (misalnya mtDNA **atau** morfologi). Integrasi dengan kongruensi mengidentifikasi batas spesies melalui interseksi bukti dari dua atau lebih karakter taksonomi independen (misalnya mtDNA **dan** morfologi). Kedua metode integrasi mempunyai keterbatasan.

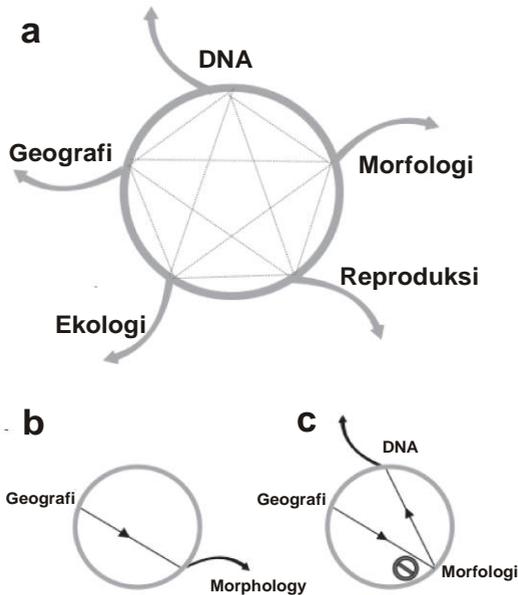
Integrasi dengan kumulasi dapat mengakibatkan *over-estimate* perkiraan jumlah spesies karena identifikasi spesies yang berbeda hanya didasarkan pada variasi karakter intraspesifik. Sebagai contoh, populasi sejenis bisa sangat berbeda morfologinya namun akan keliru dianggap sebagai spesies yang berbeda (kesalahan alfa atau *false positive*). Sebaliknya, integrasi dengan kongruensi adalah pendekatan yang sangat ketat, yang dapat mengakibatkan *under-estimate* perkiraan jumlah spesies karena tidak mampu mendeteksi *cryptic species* atau *young species* (kesalahan beta atau *false negative*, pada Gambar 9. diwakili oleh tiga spesies dalam lingkaran, di antara semua yang tidak terdeteksi).



Gambar 9. Skema dua pendekatan taksonomi integratif, integrasi dengan kumulasi (kiri) dan integrasi dengan kongruensi (kanan) (Padial *et al.*, 2010). Latar belakang kuning, merah, dan biru mewakili spektrum variasi karakter, setiap titik menunjukkan sebuah garis evolusi independen, yang memerlukan identifikasi dan pembatasan spesies secara terpisah.

Integrasi dengan kongruensi mengikuti asumsi bahwa pola-pola yang sesuai pada divergensi di antara beberapa karakter taksonomi menunjukkan pemisahan garis keturunan secara penuh. Para taksonom juga mengharapakan bahwa spesies yang ditemukan akan lebih sering sesuai dengan unit evolusi yang berbeda karena sangat mustahil bahwa pola koheren karakter yang sesuai akan muncul secara kebetulan. Sebagai contoh, DeSalle *et al.* (2005)

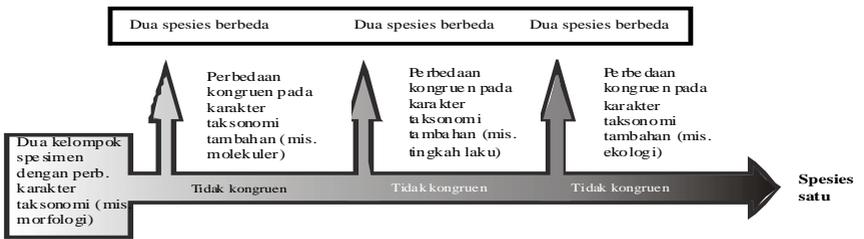
memberikan ilustrasi dalam diagram kerja bahwa kongruensi antara dua karakter taksonomi adalah faktor penting untuk mencapai suatu kesimpulan tentang status spesies (Gambar 10a-10c). Perbedaan kombinasi karakter taksonomi dapat dianggap perlu oleh peneliti yang berbeda untuk mengusulkan dan mendukung spesies (Gambar 11a), seperti kongruensi karakter molekuler dan morfologi (Dayrat, 2005; Cardoso *et al.*, 2009), atau bahkan kombinasi lebih ketat membutuhkan bukti tentang isolasi reproduksi (Meiri & Mace, 2007; Alstrom *et al.*, 2008).



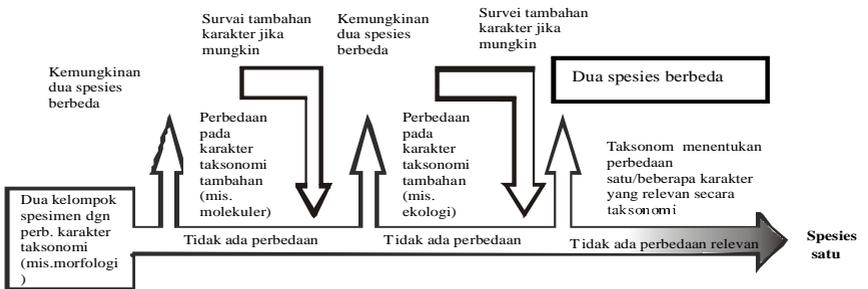
Gambar 10. "Lingkaran taksonomi", merupakan protokol pengakuan spesies pada pendekatan kongruensi (DeSalle, 2005). Garis putus-putus pada (a) menghubungkan bukti-bukti yang digunakan untuk penemuan spesies atau mendukung hipotesis sebelumnya. Pengakuan spesies dipertimbangkan apabila terdapat kongruensi antara karakter taksonomi dan geografi yang memungkinkan keluar dari lingkaran (panah). Sebagai contoh, pada taksonomi klasik (b) spesimen yang berbeda secara morfologi di lokasi yang berbeda dapat digunakan untuk pengusulan dan mendukung suatu hipotesis spesies. Pada kasus *cryptic species* (c), morfologi gagal mendukung hipotesis tetapi karakter lain (misalnya molekuler) dapat mendukungnya.

Keuntungan utama pendekatan kongruensi adalah adanya peningkatan stabilitas taksonomi: sebagian besar taksonom akan setuju pada validitas suatu spesies yang didukung oleh beberapa perangkat karakter, asalkan jelas bahwa mereka tidak terpaut dan terfiksasi. Keterbatasan utama yang melekat pada kongruensi antara karakter taksonomi adalah resiko taksiran jumlah spesies yang rendah (*underestimate*) (Gambar 9.), karena proses spesiasi tidak selalu disertai dengan perubahan karakter pada semua tingkatan (Misalnya Adams, 2009). Beberapa studi empiris mendukung pandangan bahwa kurangnya kongruensi karakter sering dihasilkan dari modus dan keadaan yang berbeda pada spesiasi (Degnan & Rosenberg, 2009; Presgraves, 2010). Risiko lebih lanjut integrasi dengan kongruensi adalah bias dalam pengungkapan spesies yang lebih tua.

a. Taksonomi integratif dengan kongruensi

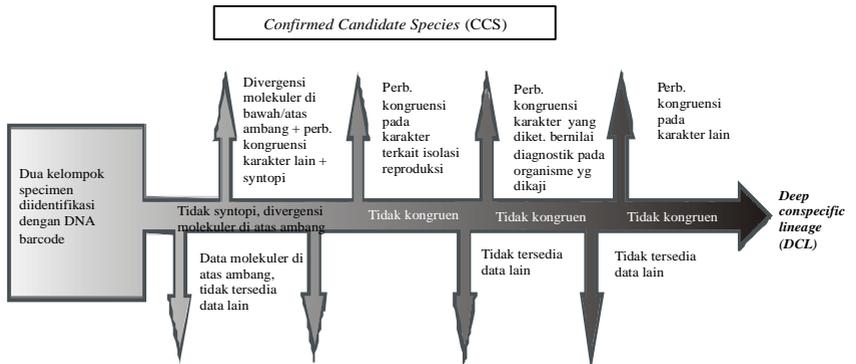


b. Taksonomi integratif dengan kumulasi



Gambar 11. Skema kerja taksonomi (Vieites, 2009). Alur kerja (a) taksonomi integratif dengan kongruensi dan (b) taksonomi integratif dengan kumulasi.

c. Pendekatan spesies *candidate*



d. Protokol konsensus untuk taksonomi integratif



Gambar 11 (lanjutan). Skema kerja taksonomi (Vieites, 2009). Alur kerja (c) alur untuk mendefinisikan *Unconfirmed Candidate Species* (UCS), *Confirmed Candidate Species* (CCS) dan *Deep Conspecific Lineages* (DCL) pada pendekatan menggunakan DNA *barcode*, dan (d) alur kerja taksonomi integratif yang menggabungkan keunggulan pendekatan kumulasi dan kongruensi. Peningkatan intensitas warna hitam pada (a) – (d) menunjukkan peningkatan ketidakpastian tentang status spesies, yang memerlukan evaluasi data secara lebih menyeluruh.

Integrasi melalui kumulasi didasarkan pada asumsi bahwa perbedaan dalam setiap atribut organisme yang merupakan karakter taksonomi dapat memberikan bukti adanya spesies (de Queiroz, 2007). Pendekatan ini mendukung pandangan bahwa karena semua karakter taksonomi adalah suatu kesatuan eksistensi, tingkatan penampakan, dan besarnya perbedaan selama spesiasi, maka satu-satunya cara untuk integrasi yang sebenarnya adalah memungkinkan setiap sumber bukti - **bahkan satu saja** - untuk membentuk dasar penemuan spesies. Pada prakteknya, bukti dari semua perangkat karakter dirakit secara kumulatif, kesesuaian dan ketidaksesuaian dijelaskan dari perspektif evolusi pada populasi yang diteliti, dan keputusan dibuat berdasarkan informasi yang tersedia, yang dapat mengarahkan pengakuan suatu spesies berdasarkan satu perangkat karakter jika karakter-karakter tersebut dianggap sebagai indikator yang baik pada divergensi garis keturunan (Gambar 11b) (Schlick-Steiner *et al.*, 2010; Padial *et al.*, 2009).

Keuntungan utama pendekatan integrasi dengan kumulatif adalah bahwa tidak ada ikatan delimitasi spesies pada identifikasi karakter biologi tertentu, sehingga taksonom dapat memilih dan terfokus pada perangkat karakter yang paling tepat untuk setiap kelompok organisme. Integrasi dengan kumulasi telah menjadi pendekatan tradisional taksonomi morfologi (Gambar 11b) sebelum penggabungan dengan karakter lainnya. Integrasi dengan kumulasi juga mungkin paling sesuai untuk mengungkap penyimpangan spesies dalam radiasi adaptif karena proses spesiasi bertahap sepanjang gradien ekologi (Nosil *et al.*, 2009). Keterbatasan utama dari integrasi dengan kumulasi adalah bahwa penggunaan satu baris bukti (misalnya lokus tunggal mtDNA) dapat mengakibatkan perkiraan jumlah spesies yang terlalu tinggi (*overestimate*) (Gambar 9.). Sebagai contoh, karena pergeseran genetik (*genetic drift*), populasi kecil yang terisolasi hanya untuk waktu yang singkat sudah bisa menjadi *reciprocally monophyletic* yang berhubungan dengan beberapa karakter sehingga bisa dilakukan diagnosis. Situasi seperti ini tidak mewakili keragaman jenis yang penting bagi ahli ekologi dan biologi evolusi dan tetap menjadi pertanyaan apakah populasi tersebut harus diakui dan

dinamakan sebagai spesies atau tidak. Pada Gambar 11d. menunjukkan alur kerja taksonomi integratif yang menggabungkan keunggulan pendekatan kumulasi dan kongruensi.

Pada praktik saat ini, kajian sistematika molekuler, filogeografi dan DNA *barcoding* terhadap eukariot menunjukkan sekian banyak unit yang berpotensi sebagai spesies baru, namun belum mampu ditindaklanjuti oleh taksonom dengan segera. Hal tersebut memerlukan panduan untuk mengungkap individu-individu yang masih *undescribed* tersebut. Bakteriologi mempunyai konsep untuk penyebutan kondisi seperti itu, yang kemudian diaplikasikan pada dunia vertebrata, yang dikenal sebagai *candidate species*. Pada Gambar 11c. merupakan gambaran langkah kerja untuk pengenalan tiga macam spesies *candidate*. Kelompok-kelompok individu yang menunjukkan jarak genetik yang besar, tetapi tanpa informasi lebih lanjut, disebut sebagai *unconfirmed candidate species* (UCS) dan selayaknya perlu dikaji lebih lanjut. Jika data tambahan menunjukkan bahwa unit-unit *genealogi*-nya tidak dapat dibedakan pada tingkat spesies, maka dinyatakan sebagai *deep conspecific lineages* (DCL). Kategori ketiga adalah *confirmed candidate species* (CCS), yang diaplikasikan untuk DCL yang sudah dinyatakan sebagai spesies dengan mengikuti standar divergensi untuk kelompok yang dikaji, namun secara formal belum dideskripsikan dan diberi nama.

Murray & Schleifer (1994) mengusulkan sistem nama formal untuk *candidate* prokaryot dengan menempatkan epithet *Candidatus* sebelum nama spesies, misalnya *Candidatus Liberobacter asiaticus*. Sistem ini kemudian dapat diterima secara luas dan digunakan dalam Bacteriological Code. Namun demikian, sistem tersebut tidak dapat diaplikasikan untuk eukariot karena Zoological Code dan Botanical Code tidak menentukan kriteria minimum untuk pengenalan nama spesies yang valid. Padial (2010) mengusulkan Codes of Nomenclature untuk menghindari konflik penamaan *candidate* tersebut, dengan mengkombinasikan nama spesies binomial, diikuti penambahan dalam kurung siku, singkatan "Ca" (untuk *candidate*), diikuti kode numerik spesies *candidate* tertentu, dan diakhiri dengan nama author beserta tahun publikasi artikel. Sebagai contoh, *Hirudo medicinalis* [Ca3 Siddal

et al. 2007]. Contoh-contoh lain beserta penjelasan yang lebih rinci tentang usulan sistem nama tersebut dapat dipelajari pada Padial (2010).

d. Implikasi taksonomi integratif

Alur kerja taksonomi integratif seperti diuraikan sebelumnya, membawa implikasi perlunya panduan bagaimana cara penamaan spesies. Hal tersebut sudah diantisipasi oleh Dayrat (2005) dengan menyertakan *guideline* penamaan spesies apabila mengikuti pendekatan taksonomi integratif. Padial (2010) juga mengusulkan sistem nama untuk individu-individu yang *undescribed* (lihat bagian sebelumnya). Chakrabarty (2010) mengusulkan istilah “genotype” untuk memberi label pada setiap data dari berbagai tipe (termasuk holotype, topotype, dan lainnya). Pada penamaan sekuen genetik dari suatu holotipe, dapat dinyatakan sebagai suatu “hologenotype” (dari: **holotype** dan **genotype**), sekuen dari suatu topotype dinyatakan sebagai suatu “topogenotype,” dan seterusnya. Sebagai tambahan, penanda genetik yang digunakan juga dimasukkan dalam penamaan, misalnya paragenotype ND2. Secara lebih rinci, Dubois (2011) memberikan rekomendasi-rekomendasi sesuai standar dan petunjuk-petunjuk penamaan spesies di bidang zoologi. Sedangkan untuk rekonstruksi pohon filogeni, Rasmussen & Kellis (2011) juga telah mengembangkan metodologinya.

Jauh sebelum Dayrat (2005) mengusulkan taksonomi integratif, Huelsenbeck *et al.* (1996) sudah mengusulkan pentingnya mengkombinasikan data morfologi dan molekuler pada analisis filogenetika. Pada waktu itu, Huelsenbeck dan koleganya mengusulkan analisis data-data yang terpartisi melalui alternatif tiga metode, yaitu *total evidence*, *separate analysis*, dan *conditional combination*. Keuntungan dan kelemahan, langkah-langkah analisis, dan contoh-contohnya dapat dicermati pada pustaka tersebut.

Pires & Marinoni (2010) menyatakan bahwa usulan Dayrat (2005) dan pemikiran pentingnya mengkombinasikan data yang diulas oleh Huelsenbeck *et al.* (1996) diharapkan dapat mengungkap kelompok-kelompok spesies yang belum tertangani

jika hanya dideskripsikan berdasarkan morfologi semata. Penambahan data DNA terhadap data morfologi akan membantu merekognisi spesies *cryptic* yang hasilnya akan berbeda jika dianalisis berdasarkan masing-masing data. Taksa yang diusulkan berdasarkan data integrasi akan lebih baik dan lebih kuat mendukung hipotesis untuk pengembangan kajian-kajian yang lain, selain itu spesies yang kurang baik identifikasinya dapat menyebabkan kesalahan pada kajian-kajian lainnya.

Implikasi lebih lanjut, perhatian terhadap taksonomi integratif seharusnya didasarkan pada suatu konteks pengembangan metodologi terintegrasi untuk penelitian dan pendidikan biologi. Penelitian dalam bidang biologi seharusnya berbasis multidisiplin, melibatkan berbagai bidang yang berbeda, dan berfokus pada permasalahan yang kompleks. Suatu hal yang sangat penting adalah mendukung *alpha taxonomy* dengan cara mempertahankan deskripsi berdasar morfologi dalam suatu *equilibrium* atau keseimbangan dengan perkembangan teknologi untuk mengatasi kesukaran taksonomi. Pada konteks ini, perkembangan teknologi semacam DNA dan internet seharusnya dimanfaatkan sebaik-baiknya melalui taksonomi integratif, untuk “membangun” kembali taksonomi tradisional dan untuk mengatasi segala permasalahan pada bidang taksonomi yang selama ini menghalangi kajian keanekaragaman makhluk hidup dan hasil-hasilnya untuk kepentingan manusia.

Penutup

Adanya taksonomi dengan pendekatan morfologi dan taksonomi dengan pendekatan molekuler untuk karakterisasi spesies dan analisis kekerabatan filogenetik telah menimbulkan pertentangan-pertentangan. Kajian molekuler memang telah memberikan dukungan dan kebanggaan terhadap taksonomi tetapi pendekatan tersebut mempunyai berbagai keterbatasan sehingga tidak dapat digunakan secara sendirian untuk memperoleh kesimpulan taksonomi. Sulit dibayangkan apabila seorang taksonom hanya bekerja dengan pustaka dan peralatan saja untuk mendeskripsikan spesies dan mempublikasikan hasilnya pada jurnal tertentu tanpa aktifitas dengan tangan dan mata. Kontak

langsung dengan organisme yang dikaji sangat penting, melalui observasi struktur, bentuk, dan pengukuran-pengukuran untuk mendeskripsikan identitasnya, seperti yang dilakukan oleh taksonom morfologis.

Pendekatan morfologi dan molekuler memiliki kelebihan dan keterbatasan, sehingga sangat penting mengkombinasikannya untuk memperoleh kekerabatan evolusi yang komprehensif. Pada akhirnya belum ada pengelompokan baru organisme berdasarkan data molekuler semata, tetapi perlu didukung pula oleh data morfologi, anatomi, dan fisiologi. Jelas bahwa deskripsi terbaik adalah melibatkan keseluruhan data tersebut, yang disebut pendekatan terintegrasi.

Mewujudkan taksonomi integratif mungkin tidak akan semudah membalik tangan, membutuhkan upaya dari berbagai pihak. Para ahli 'non-taksonomi' (baca: taksonom molekuler) harus mengakui bahwa pencapaian taksonomi berdasar morfologi sangat besar peranannya, dan bahwa kajian-kajian morfologi sangat bernilai dan penting. Para taksonom (baca: taksonom morfologi) juga harus menerima perubahan radikal terhadap kreasi penamaan spesies untuk mencegah berlimpahnya *nomina dubia* dan sinonim-sinonim. Taksonomi integratif juga diharapkan dapat mengatasi masalah frustasinya para ahli 'non-taksonomi' dalam mendeskripsikan dan menciptakan nama spesies baru, dan masalah adanya anggapan terisolirnya disiplin taksonomi dari ilmu sains. Pada akhirnya diharapkan, taksonomi integratif dapat mengatasi masalah kesenjangan komunikasi para taksonom dan 'non-taksonom', dan selanjutnya para peneliti meyakini bahwa delimitasi spesies hendaknya melibatkan berbagai perspektif yang berbeda.

“An integrative approach is the best possible future for taxonomy, and the sooner this future arrives be better”

Ucapan Terima Kasih

Bapak, Ibu, Hadirin yang saya hormati

Untuk menutup pidato ini, perkenankan saya sekali lagi mengucapkan rasa syukur ke hadlirat Allah subhanahu wa ta'ala, karena diberi berbagai kenikmatan, antara lain kenikmatan sehat, kenikmatan berkeluarga dan dianugerahi anak-anak yang semoga sholih, kenikmatan menuntut ilmu, kenikmatan mengamalkan ilmu, kenikmatan menjalankan tugas profesi hingga jenjang jabatan akademik tertinggi, serta berbagai kenikmatan lainnya yang tidak dapat dihitng. Semoga seluruh kenikmatan ini atas ridhaNya...

Perkenankan pula saya menyampaikan terima kasih yang tak terhingga kepada semua pihak, atas segala bantuan dan dukungannya, sehingga saya dapat mencapai jenjang jabatan akademik tertinggi di Perguruan Tinggi. Jabatan ini telah difasilitasi oleh Rektor, Para Pembantu Rektor, Kepala BAAKPSI, Kepala BAUK beserta stafnya. Terima kasih disampaikan pula kepada Dekan FMIPA UM, para Pembantu Dekan, serta semua staf MIPA; juga kepada Ketua dan Sekretaris Jurusan Biologi UM.

Rasa hormat dan terima kasih juga saya sampaikan kepada seluruh guru saya sejak di Madrasah Ibtidaiyah Wahid Hasyim III, khususnya KH. Qomaruddin Arief (alm.) yang telah memberi motivasi saya untuk terus menuntut ilmu. Juga guru-guru saya di SMPN 8 Malang dan SMAN 1 Malang, yang tidak dapat saya sebutkan satu per satu. Terima kasih untuk dosen-dosen saya di jenjang S1 dan S2 Pendidikan Biologi IKIP MALANG, serta semua dosen S3 saya di Universitas Brawijaya. Secara khusus saya menyampaikan terima kasih kepada guru saya, Prof. AD. Corebima, M.Pd. yang banyak membantu pengembangan wawasan akademik dan memberi motivasi saya untuk dapat berdiri di sini. Terima kasih tak terhingga juga saya sampaikan kepada para sejawat dosen dan staf di jurusan Biologi UM yang telah banyak membantu dan mendukung karir saya selama ini dengan suasana kekeluargaan dan persahabatannya. Juga kepada seluruh asisten genetika sejak dahulu hingga sekarang yang tidak saya sebutkan namanya satu demi satu, yang telah banyak membantu saya; serta

seluruh mahasiswa saya S1, S2, S3, yang menjadi teman mencari ilmu.

Rasa hormat dan terima kasih juga saya sampaikan kepada pimpinan dan rekan-rekan peneliti di Balitkabi (Balai Kacang-kacangan dan Umbi-umbian) Malang, yang telah memberi kesempatan bekerjasama mengembangkan tanaman kedelai tahan CPMMV. Juga kepada pimpinan dan para peneliti di Balitjestro (Balai Penelitian Jeruk dan Tanaman Subtropika) Batu atas segala kerjasamanya selama ini. Semoga kerjasama dapat dikembangkan untuk tahun-tahun mendatang.

Pengalaman kerja saya juga telah diwarnai oleh pengembangan di bidang pendidikan, oleh karena itu ijinkan saya berterima kasih kepada jajaran TISU (Tim Sekolah Unggulan UM) dan YPC (Yayasan Pendidikan Cendana – PT Chevron Pacific Indonesia Riau), jajaran Tim SMT (Sekolah Model Terpadu) Bojonegoro, jajaran Tim TEQIP (*Teacher Quality Improvement*) – Pertamina, Tim *Lesson Study* MIPA, dan lainnya.

Keberhasilan saya ini tercapai berkat pengertian, dukungan dan doa keluarga, oleh karena itu ucapan terima kasih saya sampaikan kepada adik saya beserta keluarganya, yaitu Dik M. Alfian Nurrahman, Dik M. Sodik, dan Dik M. Imam Hanafi. Juga, kepada kakak ipar saya dan keluarganya, yaitu Mas Tamadji, Mas Achyar, Mbak Lies Purwati (alm.), Mas Tekad Yulianto, Mbak Lilik Nurhayati, Mbak Suprapti, Mbak Suryati, dan Mas Wahyudi Irawanto. Ibu mertua, Ibu Astinah (alm.) dan Bapak mertua Bapak Abd. Wahab (alm.) yang semasa hidupnya selalu berdoa untuk kebahagiaan kami semua. Kakek dan nenek saya almarhum (H. Abdurrohman dan Hj. Mar'ati) yang dengan sabar turut merawat saya sejak kecil, juga almarhum H. Ibrahim dan Hj. Siamah yang doa-doanya juga ikut berperan dalam kebahagiaan kami. Ibu saya (Hj. Siti Ruqoyyah) dan Abah saya (H. Ismail), yang selalu mendoakan kami semua. Ibu, Abah, matur nuwun atas contoh kerja kerasnya, dan doa-doa yang tak hentinya dipanjatkan untuk kami semua. Peran serta Mbak Suminten juga sangat besar artinya, yang sudah 18 tahun membantu keluarga kami, oleh karena itu saya sampaikan banyak terima kasih. Semua keluarga, sanak kerabat

yang tidak dapat kami sebut satu per satu, atas segala doa dan bantuannya selama ini.

Terima kasih dan penghargaan yang tulus secara sangat khusus saya sampaikan kepada suami saya H. M. Zakaria Susanto dan anak-anak saya M. Hannats Hanafi Ichsan, M. Isa Ahsani dan M. Fakhry Ramadhani yang telah memberikan dukungan yang teramat besar terhadap perkembangan akademik saya. Keikhlasan dan ridha kalian yang selama ini menjadi pelecut semangat Ibu, terima kasih, suami dan anak-anakku. Khusus untuk suami saya, di hadapan majelis yang mulia ini saya umumkan bahwa beliauah **kunci** dari segala keberhasilan ini, dari awal, sekarang dan semoga seterusnya; dengan segala kesabaran, keikhlasan, dan ridhanya, saya dipercaya kuliah sejak S1, S2 sampai S3, bekerja dari pagi hingga malam, di dalam kota dan luar kota. Pidato ini juga merupakan sebagian pertanggungjawaban kepada Beliau atas kepercayaan itu, terimalah pertanggungjawaban ini, Suamiku. Selayaknya Engkaulah yang berhak menyandang semua gelar akademik yang kuraih. Kepada anak-anak saya, lihatlah ibumu, belajar dan bekerjalah dengan keras dan bertanggung-jawab; itu bagian dari iman.

Terakhir, ucapan terima kasih dan permohonan maaf, saya sampaikan kepada seluruh hadirin yang dengan sabar mengikuti pidato saya pada sidang majelis yang mulia ini. Semoga Allah SWT melimpahkan rahmat dan hidayahNya kepada kita semua. Amin, amin, amin yaa Rabbal Alamiin....

Daftar Rujukan

- Abdo, Z. and Golding, G.B. 2007. A step toward barcoding life: a modelbased, decision theoretic method to assign genes to pre-existing species groups. *Systematic Biology*. 56:1–13.
- Adams, D.C., Chelsea, M., Kozak, K.H., and Wiens, J.J. 2009. Are rates of species diversification correlated with rates of morphological evolution? *Proc R Soc Lond*. 276:2729-2738.
- Alström P., Rasmussen P.C., Olsson U., Sundberg, P. 2008. Species delimitation based on multiple criteria: the Spotted Bush Warbler *Bradypterus thoracicus* complex (Aves: Megaluridae). *Zool J Linn Soc*.154:291-307.

- Ayala, F.J. and Kiger, J.A. 1984. *Modern Genetics*. Sec. ed. Menlo Park: Benjamin/Cummings.
- Blair, C. and Murphy, R.W. 2010. Recent trends in molecular phylogenetic analysis: Where to Next? *Journal of Heredity*. The American Genetic Association. DOI:10.1093/jhered/esq092
- Cardoso, A., Serrano A., Vogler, A.P. 2009. Morphological and molecular variation in tiger beetles of the *Cicindela hybrida* complex: is an 'integrative taxonomy' possible? *Mol Ecol*. 18:648-664.
- Casiraghi, M., Labra., M., Ferri, E., Galimberti, A. and De Mattia, F. 2010. DNA barcoding: a six-question tour to improve user's awareness about the method. *Briefings in Bioinformatics Advance*. Oxford University Press. DOI:10.1093/bib/bbq003.
- Chakrabarty, P. 2010. Genotypes: a concept to help integrate molecular phylogenetics and taxonom. *Zootaxa*. 2632: 67–68.
- Corebima, A.D. 1997. *Genetika Mendel*. Surabaya: Airlangga University Press.
- Corebima, A.D. 2009. *Pengalaman Berupaya menjadi Guru Profesional*. Pidato Pengukuhan Guru Besar dalam Bidang Genetika pada Fakultas MIPA Universitas Negeri Malang, 30 Juli 2009.
- Corebima, A.D. 2011. *Genetika Ekspresi Gen*. Diktat Genetika Biologi UM.
- Cortese, L.M., Honig, J., Miller, C., and Bonos, S.A. 2010. Genetic Diversity of Twelve Switchgrass Populations Using Molecular and Morphological Markers. *Bioenerg. Res*. Springer Science+Business Media. DOI 10.1007/s12155-010-9078-2.
- Craft, K.J., Pauls, S.U., Darrow, K., Miller, S.E., Hebert, P.D.N., Helgen, L.E., Novotny, V., and Weiblen, G.D. 2010. Population genetics of ecological communities with DNABarcodes: an example from New Guinea Lepidoptera. *PNAS*. March. 16(107):5041–5046.
- Damm, S., Schierwater, B., and Hadrys, H. 2010. An integrative approach to species discovery in odonates: from character-based DNA barcoding to ecology. *Molecular Ecology*. 19:3881–3893.
- Dasmahapatra, K.K. and Mallet, J. 2006. DNA barcodes: recent successes and future prospects. *Heredity*. 1-2.
- Dayrat, B. 2005. Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*. 85: 407–415.
- de Queiroz, K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Syst Biol*. 56:879-886.
- Degnan, J. and Rosenberg, N. 2009. Gene tree discordance, phylogenetic inference and the multispecies coalescent. *Trends Ecol Evol*. 24:332-340.
- DeSalle R. 2006. Species discovery versus species identification in DNA barcoding efforts: response to Rubinoff. *Conservation Biology* .20 (5):1545–1547
- DeSalle R., Egan, M.G., and Siddal, M. 2005. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Phil Trans R. Soc. B*. 360:1905-1916.

- Dubois, A. 2011. The International Code of Zoological Nomenclature must be drastically improved before it is too late. *Bionomina*, 2:1-104. www.mapress.com/bionomina/
- Ebach, M.C. and de Carvalho, M.R. 2010. Anti-intellectualism in the DNA barcoding enterprise. *Zoologia*. 27 (2):165-178.
- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Fitzpatrick, B.M. 2002. Molecular correlates of reproductive isolation. *Evolution*. 56:191-198.
- Frezal, L. and Leblois, R. 2008. Four years of DNA barcoding: Current advances and prospects. *Infection, Genetics and Evolution*. 8:727–736.
- Galimberti, A., Martinoli, A., Russo, D., Mucedda, M., and Casiraghi, M. 2010. Molecular Identification of Italian Mouse-eared Bats (genus *Myotis*). In Nimis P. L., Vignes Lebbe R. (eds.). *Tools for Identifying Biodiversity: Progress and Problems*. pp. 289-294.
- Hajibabaei, M., Singer, G.A.C., Hebert, P.D.N. and Hickey, D.A. 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics, *Trends Genet.* DOI:10.1016/j.tig.2007.02.001
- Hall, B. 2007. *Phylogenetic Trees Made Easy*. 3rd Ed. Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Hebert, P.D.N. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 270: 313–321.
- Hidayat, T. dan Pancoro, A. 2006. *Sistematika dan Filogenetika Molekuler*. Kursus Singkat Aplikasi Perangkat Lunak PAUP dan MrBayes untuk Penelitian Filogenetika Molekuler SITH-ITB.
- Holynski, R.B. 2010. Taxonomy and the mediocrity of DNA barcoding – some remarks on Packer et al. 2009: DNA barcoding and the mediocrity of morphology. *Arthropod Systematics Phylogeny*. 68(1):143 – 150.
- Hou, Z., Fu, J., and Li, S. 2007. A molecular phylogeny of the genus *Gammarus* (Crustacea: Amphipoda) based on mitochondrial and nuclear gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 45: 596–611.
- Huelsensbeck, J.P., Bul, J.J., and Cunningham, C.W. 1996. Combining data in phylogenetic analysis. *Tree*. 11(4):152-158.
- Kadkhodaei, S., Shahnazari, M., Nekouei, M.K., Ghasemi, M., Etmnani, H., Imani, A., and Ariff, A.B. 2011. A comparative study of morphological and molecular diversity analysis among cultivated almonds (*Prunus dulcis*). *Australian Journal of Crop Science* 5(1):82-91.
- Kumar, S., and Filipski, A. 2008. Molecular phylogeni reconstruction. In: *Encyclopedia of Life Science (ELS)*. Chicester: John Wiley & Sons, Ltd. DOI:10.1002/9780470015902.a0001523.pub2.
- Lewin, B. 1998. *Genes*. Oxford: University Press.
- Luc, M., Doucet, M.E., Fortuner, R., Castillo, P., Decraemer, W., and Lax, P. 2010. Usefulness of morphological data for the study of nematode biodiversity. *Nematology*. Vol. 12(4): 495-504.

- Mallet, J. 2008. Hybridization, ecological races and the nature of species: empirical evidence for the ease of speciation. *Philos Trans R Soc Lond B*. 363:2971-2986.
- Mani, G.S, and Clarke, B.C. 1990. Mutational order: a major stochastic process in evolution. *Proc R Soc Lond B*. 240:29-37.
- May, R.R., and Harvey, P.H. 2009. Species uncertainties. *Science*.323:687.
- Meiri, S. and Mace, G.M. 2007. New taxonomy and the origin of species. *PLoS Biol*. 5:e194. DOI:10.1371/journal.pbio.0050194 e194
- Mishler, B.D. 2010. *Integrative Biology 200A: Principles of Phylogenetics, Spring Feb. 9 2010*, (http://ib.berkeley.edu/courses/ib200a/lect/ib200a_lect06_Mishler_ontogeny_plants.pdf), 16 Jan. 2011.
- Murray, R.G.E. and Schleifer, K.H. 1994. Taxonomic notes: a proposal for recording the properties of putative taxa of prokaryotes. *Int. J. Syst. Bacteriol*. 44:174-176.
- National Biological Information Infrastructure. 2010. ITIS: The Integrated Taxonomic Information System. <http://www.nbi.gov>. July 2010. Diakses 20 Maret 2011.
- Nei, M. and Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. New York: Oxford University Press.
- Nielsen, R. and Matz, M. 2006. Statistical approaches for DNA barcoding. *Syst. Biol*. 55: 162–169.
- Nosil, P., Harmon, L.J., and Seehausen, O. 2009. Ecological explanations for (incomplete) speciation. *Trends Ecol Evol*. 24:145-156.
- Nudds, T.D. and Villard, M.-A. 2010. Traditional taxonomy vs. the “dark side”: what’s the fuss? *Avian Conservation and Ecology*. 5(1): 6.
- Padial J.M., Castroviejo-Fisher, S., Köhler, J., Vilà, C., Chaparro, J.C., De la Riva, I. 2009. Deciphering the products of evolution at the species level: the need for an integrative taxonomy. *Zool Script*. 38:431-447.
- Padial, J.M., Miralles, A., De la Riva, I., and Vences, M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*. 7: 1-14.
- Pereira, T.J., Fonseca, G., Mundo-Ocampo, M., Guilherme, B.C., and Rocha-Olivares, A. 2010. Diversity of free-living marine nematodes (Enoplida) from Baja California assessed by integrative taxonomy. *Mar. Biol*. 157:1665–1678.
- Petit, R.J. and Excoffier, L. 2009. Gene flow and species delimitation. *Trends in Ecology and Evolution*. 24(7):386-393.
- Pires, A.C. and Marinoni. 2010. DNA barcoding and traditional taxonomy unified through Integrative Taxonomy: a view that challenges the debate questioning both methodologies. *Biota Neotrop*. 10(2).
- Presgraves, D.C. 2010. The molecular basis of species formation. *Nature Rev Gen*. (advance online publication) DOI:10.1038/nrg2718.
- Rasmussen, M.D. and Kellis, M. 2011. Accurate gene-tree reconstruction by learning gene- and species-specific substitution rates across multiple

- complete genomes. *Genome Res.* 2007 17: 1932-1942, published by Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2011.
- Reveillaud, J., van Soest, R., Derycke, S., Picton, B., Rigaux, A., van Reusel, A. 2011. Phylogenetic relationships among NE Atlantic Plocamionida topsent (1927) (Porifera, Poecilosclerida): under-estimated diversity in reef ecosystems. *PLoS ONE* 6(2): e16533. doi:10.1371/journal.pone.0016533.
- Rokas, A., B. L. Williams, N. King, and S. B. Carroll. 2003. Genomescale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. *Nature* 425:798-804.
- Roy, S., Tyagi, A., Shukla, V., Kumar, A., and Singh, U.M. 2010. Universal plant DNA barcode loci may not work in complex groups: a case study with Indian *Berberis* species. *PLoS ONE*. 5(10): e13674. doi:10.1371/journal.pone.0013674.
- Rueffler, C., Van Dooren, T.J.M., Leimar, O., Abrams, P.A. 2006. Disruptive selection and then what? *Trends Ecol Evol.* 21:238-245.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4: 406–425.
- Schlick-Steiner, B.C., Steiner, F.M., Seifert, B., Stauffer, C., Christian, E., and Crozier, R.H. 2010. Integrative taxonomy: a multisource approach to exploring Biodiversity. *Annu Rev Entomol.* 55:421-438.
- Schluter, D. 2009. Evidence for ecological speciation and its alternative. *Science.* 323:737-741.
- Schram, F. 2004. The truly new systematics -- megascience in the information age. *Hydrobiologia.* 519:1-7.
- Scotland, R.W., Olmstead, R.G. and Bennett, J.R. 2003. Phylogeny reconstruction: the role of morphology. *Systematic Biology* 52(4): 539 – 548.
- Seehausen, O., Terai, Y., Magalhaes, I.S., Carleton K.L., Mrosso, H.D.J., Miyagi, R., Sluijs I van der, Schneider, M.V., Maan, M.E., Tachida, H., Imai, H., Okada, N. 2008. Speciation through sensory drive in cichlid fish. *Nature.* 455:620-626.
- Seppa, P., Helantera, H., Trontti, K., Puntila, P., Chernenko, A., Martin, S.J. and Sundstrom, L. 2011. The many ways to delimit species: hairs, genes and surface chemistry. *Myrmecol News.* 15:31-41.
- Shinwari, Z.K. and Shinwari, S. 2010. Molecular data and phylogeny of family smilacaceae. *Pak. J. Bot.* 42: 111-116.
- Smith, A.B. 1997. Echinoderm Phylogeny: How Congruent Are Morphological and Molecular Estimates? *Paleontological Society*, 3, 1997: 337-355.
- Smith, A.B. 1997. Echinoderm phylogeny: how congruent are morphological and molecular estimates? *Paleontological Society*, 3, 1997: 337-355.
- Smith, N.D. and Turner, A.H. 2005. Morphology's role in phylogeny reconstruction: perspectives from paleontology. *Syst. Biol.* 54(1):166–173.
- Spooner, D.M. 2009. DNA barcoding will frequently fail in complicated groups: an example in wild potatoe. *American Journal of Botany.* 96(6):1177–1189.

- Stamatakis, A. and Carrasco F.I., 2011. Result verification, code verification and computation of support values in phylogenetics. *Briefings in Bioinformatics Advance Access*. January 21. doi:10.1093/bib/bbq079.
- Steiner, F.M., Seifert, B., Moder, K., and Schlick-Steiner, B.C. 2010. A multisource solution for a complex problem in biodiversity research: Description of the cryptic ant species *Tetramorium alpestre* sp.n. (Hymenoptera: Formicidae). *Zoologischer Anzeiger* 249:223–254.
- Streelman, J.T. and Danley P, D. 2003. The stages of vertebrate evolutionary radiation. *Trends Ecol Evol.* 18:126-131.
- Sulasmı, E.S. Sulisetijono, dan Zubaidah, S. 1994. Membandingkan Ciri-ciri Jenis-jenis *Porophyllum* yang terdapat di Daerah Malang dengan *Porophyllum ruderales* Cass. UM: Lembaga Penelitian.
- Tibayrenc, M. 2005. Bridging the gap between molecular epidemiologists and evolutionists. *Trends Microbiol.* 13: 575–580.
- Uy, J.A., Moyle, R.G., Filardi, C.E., and Cheviron, Z.A. 2009. Difference in plumage color used in species recognition between incipient species is linked to a single amino acid substitution in the melanocortin-1 receptor. *Am Nat.* 174:244-254.
- Vanderpoorten, A. and Shaw, J. 2010. The application of molecular data to the phylogenetic delimitation of species in bryophytes: A note of caution. *Phytotaxa* 9:229–237.
- Veites D.R., Wollenberg K.C., Andreone F., Köhler, J., Glaw, F., and Vences, M. 2009. Vast underestimation of Madagascar's biodiversity evidenced by an integrative amphibian inventory. *Proc Nat Acad Sci USA.* 106:8267-8272.
- Vogler, A.P., and Monaghan, M.T. 2007. Recent advances in DNA taxonomy. *J Zool Syst Evol Res.* 45:1-10.
- Wiens, J.J. 2001. Character analysis in morphological phylogenetics: problems and solutions. *Syst. Biol.* 50(5):689–699.
- Wiens, J.J. 2004. The role of morphological data in phylogeny reconstruction. *Systematic Biology.* 53(4): 653-661.
- Wiens, J.J. 2009. Paleontology, genomics, and combined-data phylogenetics: can molecular data improve phylogeny estimation for fossil taxa? *Systematic Biology Advance*. DOI:10.1093/sysbio/syp012.
- Wiens, J.J., Kuczynski, C.A., Townsend, T., Reeder, T.W., Mulcahy, D.G., and Sites, J.W. 2010. Combining phylogenomics and fossils in higher-level squamate reptile phylogeny: molecular data change the placement of fossil taxa. *Syst. Biol.* 59(6):674–688.
- Wood, T.E., Takebayashi, N., Barker, M.S., Mayrose, I., Greenspoon, P.B., Rieseberg, L.H. 2009. The frequency of polyploid speciation in vascular plants. *Proc Natl Acad Sci USA.* 106:13875-13879.
- Yassin, A., Markow, T.A., Narechania, A., O'Grady, P.M., and DeSalle, R. 2010. The genus *Drosophila* as a model for testing tree- and character-based methods of species identification using DNA barcoding. *Molecular Phylogenetics and Evolution.* 57:509–517.

- Zubaidah, S. 1996. Pemanfaatan tumbuhan paku-pakuan Hutan Wisata Alam Cangar sebagai sumber belajar biologi. *Pendidikan Humaniora dan Sains*. No. 1 & 2 Sept. 1995 & April 1996. Hal. 125-138.
- Zubaidah, S. 1997a. Tipe reproduksi *Pteris biauurita* L. di daerah berketinggian berbeda. *Jurnal MIPA*. No. 1 Januari. Hal. 60-66.
- Zubaidah, S. 1997b. Hubungan kekerabatan anggota marga *Pteris* di kampus IKIP MALANG. *Chimera*. No. 3. Hal. 44-55.
- Zubaidah, S. 2001. Tipe sitologi dua spesies *Pteris* dalam hubungannya dengan ketinggian tempat. *Berkala Penelitian Hayati*. Vol 7 No. 1 Desember 2001 (diterbitkan Februari 2002). Hal. 25-28.
- Zubaidah, S. 2004. Identifikasi, Variasi Genetik, Distribusi, dan Upaya Eliminasi Bakteri Penyebab Penyakit CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*). Disertasi Tidak Diterbitkan. Malang: Universitas Brawijaya.
- Zubaidah, S. dan Kuswanto, H. 2007. Identifikasi penanda molekuler RAPD untuk ketahanan genotipe plasma nutfah kedelai terhadap CPMMW (Cowpea Mild Mottle Virus). *Jurnal Forum Penelitian*, Tahun 19, Nomor 2 Desember. 294-308.
- Zubaidah, S. dan Sunarmi, 1998. Studi Tipe Sitologi *Dryopteris sparsa* di Hutan Wisata Cangar Kabupaten Malang Jatim. UM: Lembaga Penelitian.
- Zubaidah, S., Balqis, dan Effendi, Y. 2001. Survei keanekaragaman tumbuhan paku epifit di kotamadya dan kabupaten Malang. *Forum Penelitian, Jurnal Teori dan Praktik Penelitian*. Tahun 13 No. 2 Desember. Hal 152-162.

CURRICULUM VITAE

I. Identitas

1. Nama lengkap : Prof. Dr. Siti Zubaidah, S.Pd, M.Pd.
2. NIP : 19680602 199302 2 001
3. Tempat dan tanggal lahir : Malang, 2 Juni 1968
4. Agama : Islam
5. Instansi tempat bekerja : Jurusan Biologi – FMIPA – Universitas Negeri Malang
6. Pangkat, Golongan : Pembina Tingkat I, IV/b ruang
7. Keluarga :
 - Suami : H. M. Zakaria Susanto
 - Anak : 1. M. Hannats Hanafi Ichsan
2. M. Isa Ahsani
3. M. Fakhry Ramadhani

II. Riwayat Pendidikan

No.	Pendidikan	Nama dan alamat sekolah	Tahun Sekolah	Ijazah	Keterangan Lulusan
1.	SD	MI Wahid Hasyim III Malang	1975	1981	Terbaik
2.	SLTP	SMPN 8 Malang	1981	1984	Lima Besar
3.	SLTA	SMAN 1 Malang	1984	1987	Lima Besar
4.	S1	IKIP Malang	1987	1992	Pamuncak MIPA
5.	S2	IKIP Malang	1995	1998	Cumlaude, Peraih IPK Tertinggi UM
6.	S3	Universitas Brawijaya Malang	2001	2004	Cumlaude

III. Riwayat Kepangkatan

No.	Pangkat	Gol.	TMT	Jabatan Fungsional	TMT
1.	Penata Muda	III/a	01/09/1994	Asisten Ahli Madya	01/09/1994
2.	Penata Muda	III/b	01/04/1998	Asisten Ahli	01/02/1998

	Tk. I				
3.	Penata	III/c	01/04/2000	Lektor Muda	01/04/2000
4.	Penata Tk. I	III/d	01/10/2003	Lektor Madya	01/01/2001
5.	Pembina	IV/a	01/10/2006	Lektor Kepala	01/04/2004
6.	Pembina Tk. I	IV/b	01/10/2008	Guru Besar	01/11/2010

IV. Riwayat Pekerjaan

No.	Tanggal/Tahun Mulai Bekerja	Tanggal/Tahun Akhir Bekerja	Nama dan Tempat Pekerjaan	Jabatan
1.	1 Pebruari 1993	Sekarang	Universitas Negeri Malang	Dosen Jur. Biologi UM

V. Pengalaman di Bidang Perkuliahan

No	Mata Kuliah yang Diampu	Jenjang	Tahun
1.	Biologi Umum	S1	1993 – 1995
2.	Pengetahuan Lingkungan	S1	1993 – 1995
3.	Taksonomi Tumbuhan Tinggi	S1	1993 – 2000
4.	Taksonomi Tumbuhan Rendah	S1	1993 – 2000
5.	Anatomi Tumbuhan	S1	1994
6.	Evaluasi Pendidikan	S1	1998 – 2000
7.	Mikologi	S1	2000
8.	Pengantar Bioteknologi	S1	2011
9.	Genetika I	S1	1999 – sekarang
10.	Genetika II	S1	1999 – sekarang
11.	Teknik Analisis Biologi Molekuler	S1	2004 – sekarang
12.	Genetika	S2	2005 – sekarang

VI. Pengalaman Tugas Lain

No.	Tugas/Peran	Tahun
1.	Supervisor Pendidikan Yayasan Pendidikan Cendana– PT Chevron Pacific Indonesia - Riau Bekerja sama dengan TISU (Tim Sekolah Unggulan UM)	2006 – 2009
2.	Advisor Pendidikan Yayasan Pendidikan	2010 – sekarang

	Cendana– PT Chevron Pacific Indonesia -Riau Bekerja sama dengan TISU (Tim Sekolah Unggulan UM)	
3.	Koordinator Akademik SMT (Sekolah Model Terpadu) Bojonegoro Bekerja sama dengan UM	2010 – sekarang
4.	Pengembang Panduan Penelitian dan Tim Agregasi Nasional Pemetaan dan Pengembangan Mutu Pendidikan di Kabupaten/Kota Indonesia (Dit. Litabmas – Dirjen Dikti)	2011
5.	Reviewer Penelitian Dirjen Dikti	2010 – sekarang
6.	Reviewer Lembaga Penelitian UM	2010 – sekarang
7.	Trainer TEQIP (<i>Teacher Quality Improvement</i>) UM – Pertamina	2010
8.	Pendamping Pengembangan KTSP SD Diknas Kota Batu	2009
9.	Pendamping Pelaksanaan Penelitian Tindakan Kelas Jawa Timur	2006
10.	Tim Pengembang Lembaga Penelitian	2005
11.	Pendamping Piloting Pembelajaran dan Lesson Study JICA	2006 – sekarang
12.	Reviewer Jurnal Cendekia	2007 – sekarang
13.	Reviewer Jurnal Pendidikan Biologi	2010 – sekarang
14.	Reviewer Jurnal J-TEQIP	2010 – sekarang
15.	Anggota Tim Money Internal UM	2010
16.	Anggota Tim Money Berbasis Institusi Pelaksanaan PHK di UM	2010
17.	Anggota Unit Penjaminan Mutu FMIPA	2010 – sekarang

VII. Pengalaman Penelitian

A. Penelitian Bidang Pendidikan

1. **Zubaidah, S.** dan Nuraini, I. 1999. Pembuatan Peta Konsep dan Pemberian Pra-tes untuk Meningkatkan Motivasi Belajar Konsep Perkembangbiakan Tumbuhan Siswa Kelas III SLTP Lab. UM. Penelitian Kelompok (payung RUT a.n. Prof Radyastuti Winarno) sebagai Ketua.
2. **Zubaidah, S.,** Sunarmi, dan Prasetyo, T.I. 2000. Penerapan Pola PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan) pada Matakuliah Botani Tumbuhan Rendah untuk Menunjang Perkembangan Penalaran Formal Mahasiswa. Penelitian Kelompok (DIK) sebagai Ketua.

3. Sunarmi, Sulasmi, E.S., dan **Zubaidah, S.** 2001. Peningkatan Penalaran Formal Mahasiswa dengan Penerapan Pola PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan) pada Matakuliah Botani Tumbuhan Tinggi di Jur. Biologi – UM. Penelitian kelompok (DIK) sebagai Anggota.
4. **Zubaidah, S.**, Utami, S., dan Setiawati, N. 2001. Penggunaan Peta Konsep untuk Meningkatkan Pemahaman Siswa dalam Mempelajari Konsep Jaringan pada Hewan dan Manusia pada Siswa Kelas II Cawu I SMUN 1 Jombang. Penelitian Kelompok (payung RUT a.n. Prof Radyastuti Winarno) sebagai Ketua.
5. **Zubaidah, S.** Farida, H., dan Khoiriyati, M. 2001. Peningkatan Pemahaman Siswa tentang Struktur Hewan dan Manusia pada Kelas II Cawu I SMUN 2 Jombang melalui Pemberian Tugas Membuat Media Gambar. Penelitian kelompok (payung RUT a.n. Prof Radyastuti Winarno) sebagai Ketua.
6. Corebima, AD., Susilo, H., dan **Zubaidah, S.** 2002. Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan (PBMP) sebagai Alat Pembelajaran IPA-Biologi Konstruktivistik untuk Meningkatkan Penalaran Siswa SLTP di Jawa Timur. Penelitian Kelompok (RUT) sebagai Anggota.
7. **Zubaidah, S.**, Mahanal, S., Suyanto, Yuwono, K.S., dan Kurniyawati, E. 2005. Penerapan Pola PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan) pada Mata Pelajaran IPA untuk Meningkatkan Perkembangan Penalaran Siswa MIJS (MI Jenderal Sudirman) Malang. Penelitian Kelompok (PTK-Dikti) sebagai Ketua.
8. **Zubaidah, S.** dan AD. Corebima. 2005. Implementasi Asesmen *Life Skills*. Penelitian Kelompok. PHK A-2 Biologi FMIPA UM.
9. **Zubaidah, S.**, Chairuddin, Chasanah, U. 2006. Pembelajaran Kontekstual dengan Metode Inkuiri untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir, Hasil dan Motivasi Belajar IPA pada Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. Penelitian Kelompok (PTK-Dikti) sebagai Ketua.
10. **Zubaidah, S.** 2006. Penerapan Berbagai Metode dalam Pembelajaran Biologi di SMAN 2 Malang. Laporan Kegiatan Piloting dan Lesson Study Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang Semester Genap Tahun 2005/2006.
11. Mahanal, S., **Zubaidah, S.**, Nugrahaningsih, Sunarmi, Tenzer, A. 2006. Penerapan Pembelajaran Berdasarkan Masalah dengan Strategi Kooperatif Model STAD pada Mata Pelajaran IPA-Biologi untuk Meningkatkan Keterampilan Proses dan Kemampuan Berfikir Siswa SMA-SMA dengan Setting Wilayah Pertanian Malang, Lemlit UM, Nopember 2006. Sebagai Anggota.
12. Mahanal, S., dan **Zubaidah, S.** 2006. Kajian Pelaksanaan Green School di Sekolah Laboratorium Universitas Negeri Malang, Lemlit UM, Desember 2006 . Sebagai Anggota.

13. Corebima, A. dan **Zubaidah, S.** 2007. Pembedayaan Paradigma Konstruktivisme dan Strategi Metakognisi pada Perkuliahan Genetika di Jurusan Biologi UM, Due Like, Juli 2007. Sebagai Anggota.
14. **Zubaidah, S.**, Chairuddin, Chasanah, U. 2007. Penerapan Metode Inkuiri dan Reciprocal Teaching untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang, Lemlit UM, Nopember 2007. Sebagai Ketua.
15. Corebima, A., Susilo, H. dan **Zubaidah, S.** 2007. Pembedayaan Keterampilan Metakognitif pada Pembelajaran IPA, IPA Biologi, dan Biologi dalam Mendukung Perkembangan Kemampuan Berpikir Tinggi Para Siswa SD, SMP, dan SMA, Lemlit UM, Desember 2007. Laporan HPTP. Sebagai Anggota.
16. Corebima, A., Susilo, H. dan **Zubaidah, S.** 2008. Pembedayaan Keterampilan Metakognitif pada Pembelajaran IPA, IPA Biologi, dan Biologi dalam Mendukung Perkembangan Kemampuan Berpikir Tinggi Para Siswa SD, SMP, dan SMA, Lemlit UM, Desember 2008. Laporan HPTP. Sebagai Anggota.
17. Corebima, A., Susilo, H. dan **Zubaidah, S.** 2009. Pembedayaan Keterampilan Metakognitif pada Pembelajaran IPA, IPA Biologi, dan Biologi dalam Mendukung Perkembangan Kemampuan Berpikir Tinggi Para Siswa SD, SMP, dan SMA, Lemlit UM, Desember 2009. Laporan HPTP. Sebagai Anggota.
18. **Zubaidah, S.**, AD. Corebima, dan Mahanal S. 2009. Pengembangan Perangkat Pembelajaran Berbasis Proyek pada Mata Pelajaran Biologi untuk Memberdayakan Kemampuan Berpikir Kritis dan Sikap Siswa SMA terhadap Lingkungan Hidup. Laporan Hibah Penelitian Strategis. Sebagai Ketua.
19. Tim Peneliti UM. 2011. Penelitian Pemetaan dan Pengembangan Mutu Pendidikan di Kabupaten/Kota Jawa Timur. Dit. Litabmas. Sedang berjalan.
20. Tim Peneliti Nasional. 2011. Penelitian Pemetaan dan Pengembangan Mutu Pendidikan di Kabupaten/Kota Indonesia. Dit. Litabmas. Sedang berjalan.

B. Penelitian Bidang Biologi

1. **Zubaidah, S.** 1992. Inventarisasi Paku-pakuan di Kawasan Hutan Wisata Cangar Kabupaten Malang. Skripsi.
2. Sulasmi, E.S. Sulisetijono, dan **Zubaidah, S.** 1994. Membandingkan Ciri-ciri Jenis-jenis *Porophyllum* yang terdapat di Daerah Malang dengan *Porophyllum ruderale* Cass. Penelitian Kelompok (DIK-UM) sebagai Anggota.

3. Syamsuri, I., Budoyo, T., **Zubaidah, S.**, dan Darkuni, N. 1994. Pengaruh Chloramphenicol dan Actinomycine terhadap Daya Regenerasi Planaria. Penelitian Kelompok (DIK-UM) sebagai Anggota.
4. Suwono, H., Sarwono, dan **Zubaidah, S.** 1995. Struktur Komunitas Cladocera di Rawa Senggreng, Kabupaten Malang. Penelitian Kelompok (DIK-UM) sebagai Anggota.
5. **Zubaidah, S.** dan Sunarmi, 1998. Studi Tipe Sitologi *Dryopteris sparsa* di Hutan Wisata Cangar Kabupaten Malang Jatim. Penelitian Kelompok (Dosen Muda - Dikti) sebagai Ketua.
6. **Zubaidah, S.** 1998. Kajian Tipe Sitologi, Tipe Reproduksi dan Ciri-ciri Morfologi *Pteris biaurita* L. di daerah Berketinggian Berbeda. Tesis.
7. **Zubaidah, S.** dan Sunarmi. 1999. Kajian Tipe Sitologi dan Tipe Reproduksi *Pteris biaurita* L. di Kodya dan Kabupaten Malang. Penelitian Kelompok (Dosen Muda - Dikti) sebagai Ketua.
8. Saptasari, M., Sulisetijono, dan **Zubaidah, S.** 2000. Struktur Perkembangan dan Kerapatan Sel Minyak pada Organ Daun Sirih (*Piper bettle* L.). Penelitian Kelompok (DIK-UM) sebagai Anggota.
9. **Zubaidah, S.**, Balqis, dan Effendi, Y. 2001. Survei Keanekaragaman Tumbuhan Paku Epifit di Kotamadya dan Kabupaten Malang. Penelitian Kelompok (DIK-UM) sebagai Ketua.
10. **Zubaidah, S.** 2004. Identifikasi, Variasi Genetik, Distribusi, dan Upaya Eliminasi Bakteri Penyebab Penyakit CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*). Disertasi.
11. **Zubaidah, S.** dan Kuswantoro, H. 2006. Identifikasi Penanda Molekuler RAPD untuk Ketahanan Genotipe Plasma Nutfah Kedelai Terhadap CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*). 2006, Penelitian Kelompok (Penelitian Fundamental-Dikti) sebagai Ketua.
12. **Zubaidah, S.** dan Kuswantoro, H. 2007. Perbaikan Genetik Varietas Unggul Kedelai Berdaya Hasil Tinggi untuk Ketahanan terhadap CPMMV (*Cowpea mild Mottle virus*). Penelitian Kelompok (Penelitian Hibah Bersaing-Dikti) sebagai Ketua.
13. **Zubaidah, S.** 2008. Uji Kemampuan Antibiotik Dalam Upaya Eliminasi Bakteri CVPD pada Mata Tunas Untuk Bahan Bibit Jeruk. Penelitian Mandiri. Lemlit UM.
14. **Zubaidah, S.** 2009. Konfirmasi CVPD Berbasis PCR pada Tanaman Jeruk Bergejala Klorosis di Poncokusumo Jawa Timur. Penelitian Mandiri. Lemlit UM.
15. **Zubaidah, S.**, Kuswantoro, H., AD. Corebima, dan Saleh, N. 2009. Pembentukan Varietas Unggul Kedelai Tahan CPMMV(*Cowpea Mild Mottle Virus*) Berdaya Hasil Tinggi (Tahun I). Penelitian KKP3T Deptan. Sebagai Ketua.
16. **Zubaidah, S.**, Kuswantoro, H., dan AD. Corebima. 2010. Pembentukan Varietas Unggul Kedelai Tahan CPMMV(*Cowpea Mild Mottle Virus*)

Berdaya Hasil Tinggi (Tahun II). Penelitian KKP3T Deptan. Sebagai Ketua.

17. **Zubaidah, S.**, Sulasmi, E.S., dan Kuswanto, H. 2011. Karakterisasi Morfologi, Anatomi, dan Agronomi Plasma Nutfah Kedelai untuk Pembentukan Kedelai Tahan CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*). Dit. Litabmas. Penelitian Fundamental. Sebagai Ketua. Sedang berjalan.

VIII. Pengalaman Karya Ilmiah yang Termuat dalam Jurnal

A. Bidang Pendidikan yang Termuat dalam Jurnal

1. **Zubaidah, S.** 1996. Pemanfaatan Tumbuhan Paku-pakuan Hutan Wisata Alam Cangar sebagai Sumber Belajar Biologi. *Pendidikan Humaniora dan Sains*. No. 1 & 2 Sept. 1995 & April 1996. Hal. 125-138.
2. **Zubaidah, S.** 2000. Strategi Peningkatan Kemampuan Berpikir Siswa melalui Berbagai Pemacu Pertanyaan. *Sumber Belajar*. No. 2 Tahun 7 Desember. Hal. 12-27.
3. **Zubaidah, S.** 2001. Beberapa Alternatif Pembelajaran untuk Meningkatkan Pemahaman terhadap Istilah atau Konsep Biologi. *Sumber Belajar, Kajian Teori dan Aplikasi*. No. 1 Tahun 8 Oktober. Hal. 36-51.
4. **Zubaidah, S.** 2002. Problematika Buku Pelajaran Biologi SMU: Suatu Tinjauan antara Kebutuhan, Kenyataan, dan Harapan. *Jurnal Pendidikan Nilai*. Tahun 9 No. 2 November. Hal. 179-192.
5. **Zubaidah, S.**, Mahanal, S., Suyanto, Yuwono, K.S., dan Kurniyawati, E. 2005. Penerapan Pola PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan) pada Mata Pelajaran IPA untuk Meningkatkan Perkembangan Penalaran Siswa Kelas IV MIJS (MI Jenderal Sudirman) Malang. *Jurnal Penelitian Kependidikan*. Tahun 15 No. 2 Desember. Hal. 89-105.
6. **Zubaidah, S.**, Chairuddin, Chasanah, U. 2008. Pembelajaran Kontekstual dengan Metode Inkuiri untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir, Hasil dan Motivasi Belajar IPA pada Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. *Jurnal Pendidikan dan Pembelajaran*. Vol. 15 No. 1, April 2008. Hal. 18-27.
7. **Zubaidah, S.**, Chairuddin, Chasanah, U. 2008. Penerapan Metode Inkuiri dan Reciprocal Teaching untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. *Jurnal Sekolah Dasar, Kajian Teori dan Praktik Pendidikan*. Th 17 No. 2, Nopember 2008. Hal. 232-247.
8. Wati, D.T., **Zubaidah, S.**, Mahanal, S. 2009. Penerapan Metode Inkuiri Dipadu dengan Reciprocal Teaching pada Mata Pelajaran Sains untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir dan Aktivitas Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. *Cendekia*. Jilid 2 Nomor 1. Juli 2009.

9. Ardyati, D.P.I., **Zubaidah, S.**, Mahanal, S. 2010. Penerapan Pembelajaran Kontekstual dengan Metode Inkuiri dalam Upaya Meningkatkan Motivasi, Aktivitas, dan Hasil Belajar Sains Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. *Cendekia*. Jilid 2 Nomor 2. Januari 2010. Hal. 86-167.
10. Mahanal, S. dan **Zubaidah, S.** 2010. Penerapan pembelajaran Berdasarkan Masalah dengan Strategi Kooperatif STAD pada Matapelajaran Sains untuk Meningkatkan kemampuan Berpikir Siswa Kelas V MI Jenderal Sudirman Malang. *Jurnal Penelitian Kependidikan*. Tahun 20 Nomor 1. April 2010. Hal. 47-58.
11. Mahanal, S., Darmawan, E., Corebima, AD., dan **Zubaidah, S.** 2010. Pengaruh Pembelajaran *Project Based Learning* (PjBL) pada Materi Ekosistem terhadap Sikap dan Hasil Belajar Siswa SMAN 2 Malang. *Bioedukasi*. Vol. 1 Nomor 1. Mei 2010. Hal 1-11.

B. Bidang Biologi yang Termuat dalam Jurnal

1. **Zubaidah, S.** 1997. Tipe Reproduksi *Pteris biaurita* L. di Daerah Berketinggian Berbeda. *Jurnal MIPA*. No. 1 Januari. Hal. 60-66.
2. **Zubaidah, S.** 1997. Hubungan Kekerabatan Anggota Marga *Pteris* di Kampus IKIP MALANG. *Chimera*. No. 3. Hal. 44-55.
3. **Zubaidah, S.** 2001. Tipe Reproduksi Tumbuhan Paku Homospor di Lingkungan Universitas Negeri Malang. *Chimera* No. 2 Tahun 6 Juli. 113-123.
4. **Zubaidah, S.**, Balqis, dan Effendi, Y. 2001. Survei Keanekaragaman Tumbuhan Paku Epifit di Kotamadya dan Kabupaten Malang. *Forum Penelitian, Jurnal Teori dan Praktik Penelitian*. Tahun 13 No. 2 Desember. Hal 152-162.
5. **Zubaidah, S.** 2001. Tipe Sitologi Dua Spesies *Pteris* dalam Hubungannya dengan Ketinggian Tempat. *Berkala Penelitian Hayati*. Vol 7 No. 1 Desember 2001 (diterbitkan Februari 2002). Hal. 25-28.
6. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2004. Amplifikasi gen 16S Ribosomal RNA untuk Deteksi *Liberibacter asiaticus* pada Beberapa Kultivar Jeruk dari Beberapa Tempat. *Jurnal MIPA*. Tahun 33 No. 2 Juli. Hal. 252-264.
7. **Zubaidah, S.** 2006. Tingkat Ploidi dan Tipe Reproduksi *Dryopteris sparsa* di Hutan Wisata Cangar Kotatif Batu. *Berkala Penelitian Hayati*. Volume 11, Nomor 2, Juni. Hal. 113-117.
8. **Zubaidah, S.** dan Kuswantoro, H. 2007. Identifikasi Penanda Molekuler RAPD untuk Ketahanan Genotipe Plasma Nutfah Kedelai Terhadap CPMMW (Cowpea Mild Mottle Virus). *Jurnal Forum Penelitian*, Tahun 19, Nomor 2 Desember. 294-308.

9. **Zubaidah, S.** 2008. Uji Kemampuan Antibiotik Dalam Upaya Eliminasi Bakteri CVPD pada Mata Tunas Untuk Bahan Bibit Jeruk. *Jurnal Forum Penelitian*. Tahun 18 Nomor 1, Juni. Hal: 110-126.
10. **Zubaidah, S.** dan Kuswanto, H. 2008. Ketahanan Populasi Dasar dalam Persilangan Kedelai Tahan dan Rentan CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*). *Jurnal Agritek* Volume.16 No.4 April. Hal. 631-637.
11. Kuswanto, H. dan **Zubaidah, S.** 2008. Intensitas Serangan CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*) dan Penurunan Hasil Plasma Nutfah Kedelai. *Jurnal Agritek* Volume.16 No.5 Mei. Hal. 743-750.
12. Kuswanto, H., **Zubaidah, S.** dan Saleh, N. 2007. Keragaan Genotipe kedelai Lokal Jawa timur terhadap Serangan CPMMV. Terdapat pada *Prosiding Seminar Nasional 2007 Departemen Pertanian Inovasi Teknologi Kacang-kacangan dan Umbi-umbian mendukung Kemandirian Pangan dan Kecukupan Energi*. Hal. 73-81.
13. **Zubaidah, S.**, Kuswanto, H., Corebima, AD., dan Saleh, N. 2010. Pengembangan Penilaian Ketahanan Tanaman Kedelai terhadap CPMMV (*Cowpea mild mottle virus*) Berdasarkan Adanya *Foliar Symptoms Recovery*. *Berkala Penelitian Hayati*. Edisi Khusus No. 3.
14. Kuswanto, H., **Zubaidah, S.**, Saleh, N., dan Corebima, AD. 2010. Pengaruh Serangan CPMMV terhadap Morfologi dan Anatomi Kedelai. *Berkala Penelitian Hayati*. Edisi Khusus No. 3.
15. **Zubaidah, S.** 2010. Peningkatan Kemampuan Beberapa Antibiotik dalam Eliminasi Bakteri *Liberibacter asiaticus* untuk Mendapatkan Bibit Jeruk Bebas CVPD. *Jurnal Ilmu Dasar* Vol. 11 Nomor 11. Januari 2010.
16. **Zubaidah, S.** 2011. Konfirmasi CVPD Berbasis PCR pada Tanaman Jeruk Bergejala Klorosis Di Poncokusumo Jawa Timur. *Berkala Penelitian Hayati*. *In press*.

IX. Karya Ilmiah yang Dipublikasikan melalui Seminar/ Workshop/Lokakarya dan Pelatihan

A. Bidang Pendidikan melalui Seminar/ Workshop/Lokakarya dan Pelatihan

1. **Zubaidah, S.** dan Nuraini, I. 2000. Peningkatan Motivasi Belajar Siswa SLTP Lab. Universitas Negeri Malang melalui Peta Konsep. National Seminar on Mathematics and Science Education Problems and Alternative to Solve Those Problems, UM, February 23, 2000.
2. **Zubaidah, S.** 2000. Pola-pola Stimulasi Pertanyaan dalam Rangka menunjang Pengembangan Penalaran Siswa: Salah Satu Upaya Pemberdayaan Pembelajaran. Seminar Nasional Pemerhati Pendidikan Biologi 2000, UM, 15 Juli 2000.
3. **Zubaidah, S.**, Sunarmi, dan Prasetyo, T.I. 2001. Peningkatan Aktivitas Mahasiswa pada Matakuliah Botani Tumbuhan Rendah Setelah

- Pembelajaran dengan Pola PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan). Seminar Nasional Penggalang Taksonomi Tumbuhan Indonesia, UM, 13- 14 Juli 2001.
4. **Zubaidah, S.** 2001. Mengenal Tumbuhan Paku Epifit melalui Media Gambar. Seminar Nasional Penggalang Taksonomi Tumbuhan Indonesia, UM, 13-14 Juli 2001.
 5. **Zubaidah, S.** , Corebima, AD., dan Susilo, H. 2001. Gambaran Pemberdayaan Berpikir pada Proses Pembelajaran IPA-Biologi SLTP Jawa Timur: Suatu Dasar Upaya Perbaikan Kualitas Pembelajaran melalui RUT VIII. Seminar Nasional: The Role of School-Universitas Collaboration in Improving Science and Mathematics Education in Indonesia, JICA – Universitas Pendidikan Indonesia, Bandung, 21 Agustus 2001.
 6. **Zubaidah, S.** 2001. Implementasi Pembelajaran IPA-Biologi dengan PBMP (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan). Lokakarya PBMP Regional Jawa Timur, UM, 31 Agustus – 1 September 2001.
 7. **Zubaidah, S.** 2001. Evaluasi Belajar pada Pembelajaran IPA-Biologi dengan Pola PBMP. Lokakarya PBMP Regional Jawa Timur, UM, 31 Agustus – 1 September 2001.
 8. **Zubaidah, S.** 2002. Evaluasi Pembelajaran IPA-Biologi dengan Rubrik untuk Menunjang Kurikulum Berbasis Kompetensi. Seminar Nasional: The Development and Mastery of Science and Technology, JICA – UM, Agustus 2002.
 9. Susilo, H. dan **Zubaidah, S.** 2004. Asesmen Portofolio dalam Pembelajaran Matematika dan Sains. Seminar Calon Fasilitator Kolaborasi FMIPA UM-MGMP MIPA Kota Malang, FMIPA – UM-JICA, 19 Maret 2004.
 10. **Zubaidah, S.** 2005. Penilaian dalam Pembelajaran Biologi dengan Pendekatan Kooperatif Model TPS (Think Pair Share). Workshop PTK dengan Tema “Penerapan Pola PBMP melalui Pembelajaran Kooperatif Model TPS (Think Pair Share) untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir Kritis dan Hasil Belajar Siswa SMP dan SMA pada Setting Wilayah Pertanian” di Jurusan Biologi FMIPA UM, 28 Juni 2005.
 11. **Zubaidah, S.** 2005. Mengenal *Drosophila melanogaster* untuk Obyek Persilangan. Parent’s Day dalam Rangka Peningkatan Motivasi Belajar dan Memperluas Wawasan Siswa Madrasah Tsanawiyah Negeri Malang I, 17 September 2005.
 12. **Zubaidah, S.** 2005. Kiat-Kiat Memperoleh Dana Penelitian Hibah Bersaing. Pelatihan dan Lokakarya Penelitian Hibah Bersaing, 17 Oktober 2005 di Lembaga Penelitian Universitas Negeri Malang.
 13. **Zubaidah, S.**, Mahanal, S. dan Kurniyawati, E. 2005. Upaya Meningkatkan Perkembangan Penalaran Siswa Kelas IV MI Jenderal Sudirman Malang melalui Penerapan Pola PBMP pada Matapelajaran

- IPA. Seminar Nasional Biologi dan Pembelajarannya di Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang, 3 Desember 2005.
14. Mulyati, Y., **Zubaidah, S.**, dan Mahanal, S. 2005. Penerapan PBMP dengan Metode *Think Pair Share* pada Mata Pelajaran IPA untuk Meningkatkan Keaktifan dan Hasil Belajar Siswa Kelas IV MIJS Malang. Seminar Nasional Biologi dan Pembelajarannya di Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang, 3 Desember 2005.
 15. **Zubaidah, S.** 2005. Mengenal Karakter Lalat Buah untuk Pembelajaran Biologi. Parent's Day dalam Rangka Peningkatan Motivasi Belajar dan Memperluas Wawasan Siswa Madrasah Tsanawiyah Negeri Malang I, 17 Desember 2005.
 16. **Zubaidah, S.** 2006. Mempelajari Perkembangbiakan Seksual melalui Persilangan *Drosophila melanogaster*. Parent's Day dalam Rangka Peningkatan Motivasi Belajar dan Memperluas Wawasan Siswa Madrasah Tsanawiyah Negeri Malang I, 1 April 2006.
 17. **Zubaidah, S.** 2006. Pembelajaran Kooperatif STAD (*Student Teams Achievement Divisions*). Seminar dan Lokakarya Persiapan PTK PHK A2 Setting Wilayah Pertanian di Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang, 8 Juli 2006.
 18. **Zubaidah, S.** 2006. *Problem Based Learning* (PBL) atau Pembelajaran Berdasarkan Masalah (PBM). Seminar dan Lokakarya Persiapan PTK PHK A2 Setting Wilayah Pertanian di Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang, 8 Juli 2006.
 19. **Zubaidah, S.** 2006. *Problem Based Learning* (PBL) dengan strategi STAD (*Student Teams Achievement Divisions*). Seminar dan Lokakarya Persiapan PTK PHK A2 Setting Wilayah Pertanian di Jurusan Biologi FMIPA Universitas Negeri Malang, 8 Juli 2006.
 20. **Zubaidah, S.** 2006. Pembelajaran Inkuiri. Pelatihan Guru SMP-MTs Kota Malang di Jurusan Biologi FMIPA UM, 12 Juli 2006.
 21. **Zubaidah, S.** 2006. Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan (PBMP) atau TEQ (*Thinking Empowerment by Questioning*). Pelatihan Guru SMP-MTs Kota Malang di Jurusan Biologi FMIPA UM, 12 Juli 2006.
 22. **Zubaidah, S** dan Ruchimah. 2006. Implementasi *Lesson Study* Di SMAN 2 Malang dalam Rangka Kegiatan *Follow Up* IMSTEP JICA FMIPA UM. Seminar Nasional Penelitian, Pendidikan & Penerapan MIPA di Universitas Negeri Yogyakarta, 1 Agustus 2006.
 23. Ibrohim dan **Zubaidah, S.** 2006. Pembelajaran Kontekstual pada PLH. Pelatihan Pendidikan Lingkungan Hidup bagi Guru-guru dan Staf Bapedalda Provinsi Papua, PPLH LEMLIT UM, 7-12 Agustus 2006.
 24. **Zubaidah, S.** 2006. Asesmen Autentik dengan Portofolio. Workshop Pendalaman Materi dan Metodologi Pembelajaran Bagi Guru SMAN 2 Jombang, 12 dan 19 Agustus 2006.

25. **Zubaidah, S.** 2006. Bioteknologi. Workshop Pendalaman Materi dan Metodologi Pembelajaran Bagi Guru SMAN 2 Jombang, 12 dan 19 Agustus 2006
26. **Zubaidah, S.** 2006. Virus, Sel, dan Metabolisme. Workshop Pendalaman Materi dan Metodologi Pembelajaran Bagi Guru SMAN 2 Jombang, 12 dan 19 Agustus 2006.
27. **Zubaidah, S.** dan Ibrahim. 2006. *Problem Based Learning (PBL)* dalam Pembelajaran Biologi. Workshop Pendalaman Materi dan Metodologi Pembelajaran Bagi Guru SMAN 2 Jombang, 12 dan 19 Agustus 2006.
28. **Zubaidah, S.** 2006. Penyusunan Silabus dan Pengembangan Rencana Pelaksanaan Pembelajaran. Pelatihan Penyusunan Silabus dan Rencana Pelaksanaan Pembelajaran untuk Pimpinan dan Guru-guru SDMinas, di Yayasan Pendidikan Cendana, Rumbai Pekanbaru, 26 Nopember 2006.
29. **Zubaidah, S.** 2006. Moving Class Menuju Pembelajaran yang lebih efektif. Pelatihan Perencanaan dan Implementasi Sistem Pengelolaan Kelas dengan Moving Class untuk Anggota Litbang dan Pimpinan Sekolah di lingkungan YPC Pekanbaru, 13 Desember 2006.
30. **Zubaidah, S.** 2007. Supervisi Pendidikan. Pelatihan Supervisi Pendidikan untuk Pimpinan Sekolah, di Yayasan Pendidikan Cendana, Rumbai Pekanbaru, 11-13 Januari 2007.
31. **Zubaidah, S.** 2007. Karya Ilmiah Remaja. Makalah Pelatihan Pembinaan Karya Ilmiah Remaja untuk Pembina KIR di SMP Cendana Pekanbaru, 27 Januari 2007.
32. **Zubaidah, S.** 2007. Pembelajaran Berbasis Proyek (*Project Based Learning*). Pelatihan Pengenalan dan Implementasi Project Base Learning untuk guru-guru SD dan SMP Cendana Rumbai Minas, 13 Pebruari 2007)
33. **Zubaidah, S.** 2007. Pengembangan Profesi Guru Melalui Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*). Pelatihan Penelitian Tindakan Kelas untuk Guru-guru TK, SD, dan SMP Minas, 26 Maret 2007.
34. **Zubaidah, S.** 2007. Penulisan Artikel sebagai Salah Satu Bentuk Karya Tulis Ilmiah. Pelatihan Penulisan Karya Ilmiah dalam Menghadapi Lomba Inovasi Pembelajaran Tingkat Nasional 2007 untuk Guru-guru Yayasan Pendidikan Cendana Pekanbaru, 10-15 Juli 2007.
35. **Zubaidah, S.** 2007. Apa, Mengapa, dan Bagaimana Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*). Diklat Penelitian Tindakan Kelas (PTK) Gur MTs Se-KKKM MTs Almaarif Singosari Kab. Malang, 6 Oktober 2007.
36. **Zubaidah, S.** 2007. Desain Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*) dan Implementasinya Dalam Pembelajaran. Diklat Penelitian Tindakan Kelas (PTK) Gur MTs Se-KKKM MTs Almaarif Singosari Kab. Malang, 10 Nopember 2007.

37. **Zubaidah, S.** 2007. *Authentic Assesment*. Pelatihan Penilaian Pembelajaran Berbasis Authentic Assesment dalam rangka Pengayaan Materi Kerja Anggota Litbang Yayasan Pendidikan Cendana Pekanbaru, 23 Desember 2007.
38. **Zubaidah, S.** 2007. *Lesson Study*. Pelatihan Peningkatan Keprofesionalan Guru melalui Lesson Study untuk Guru-guru Yayasan Pendidikan Cendana Pekanbaru, 28-29 Pebruari 2007.
39. **Zubaidah, S.** 2008. Mengenal Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*). Pelatihan Penelitian Tindakan Kelas untuk Guru IGRA TK Kec. Dau, 23 Januari 2008.
40. **Zubaidah, S.** 2008. Penyusunan Laporan Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*). Diklat Penelitian Tindakan Kelas (PTK) Guru MTs Se-KKKM MTs Almaarif Singosari Kab. Malang, 12 Januari 2008.
41. **Zubaidah, S.** 2008. Rekayasa Genetika. Pelatihan Materi Biologi Genetika SMA/MA di Jurusan Biologi FMIPA UM, 9 Pebruari 2008.
42. **Zubaidah, S.** 2008. Metode dan Model Pembelajaran. Pelatihan Metode Pembelajaran untuk Guru-guru dalam rangka Sistem Pembinaan Karir Berbasis Kinerja, 27-28 Maret 2008.
43. **Zubaidah, S.** Chasanah, U. dan Chairuddin. 2008. Penerapan Metode Inkuiri dan Reciprocal Teaching untuk Meningkatkan Kemampuan Berpikir Siswa Kelas V MI Wahid Hasyim III Malang. Seminar Nasional Pengembangan Inovasi Pembelajaran di Sekolah (PIPS), 11-13 April di Yogyakarta.
44. **Zubaidah, S.** 2008. Peningkatan Profesionalisme Guru melalui Penelitian Tindakan Kelas. Pelatihan Penelitian Tindakan Kelas untuk Guru-Guru Sekolah Dasar Islam Sabilillah Malang pada Tanggal 17 Mei 2008.
45. **Zubaidah, S.** 2008. Penelitian Tindakan Kelas untuk Implementasi Model-model Pembelajaran. Diklat Profesionalisme Guru Sejarah se Provinsi Riau, DPD AGSI Provinsi Riau, 23-24 Mei 2008.
46. **Zubaidah, S.** 2008. Sinergi Kegiatan Bioassesmen Sederhana dengan Pola Pendidikan Futuristik (abad 21). Workshop Bioassesmen bagi Guru SLTA Se-Jawa Timur di Hotel Cendana Surabaya, 21 Agustus 2008.
47. **Zubaidah, S.** 2009. Teknis Pelaksanaan Penelitian Tindakan Kelas. Pelatihan PTK untuk Guru TK dan SD Islam Sabilillah Malang. 6 September 2009.
48. **Zubaidah, S.** dan Mahanal, S. 2009. Mengungkap Pendapat Guru-Guru MGMP Wilayah Beji – Gempol tentang Lesson Study. Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
49. Purwanti dan **Zubaidah, S.** 2009. Penerapan Strategi Think, Talk and Write (TTW) untuk Meningkatkan Kemampuan Berkomunikasi dan

- Hasil Belajar Biologi pada Siswa Kelas IX-A SMPN I Gempol Pasuruan. Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
50. Sriningsih, Suwito, dan **Zubaidah, S.** 2009. Pembelajaran Biologi dengan Bermain Puzzle pada Open Class Lesson Study di SMP Yapenas Gempol Pasuruan. Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
 51. Marom, N. dan **Zubaidah, S.** 2009. Penggunaan Model Kooperatif Jigsaw untuk Meningkatkan Keaktifan Siswa Kelas VIII-A pada Lesson Study di SMPN 1 Gempol Pasuruan. Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
 52. Witjaksono, B.S. dan **Zubaidah, S.** 2009. Identifikasi Problematik Siswa dalam Pembelajaran pada Kegiatan Open Class Lesson Study (Study Mendalami Keberhasilan Siswa SMPN I Beji Pasuruan dalam Belajar). Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
 53. Suwito, Sriningsih, dan **Zubaidah, S.** 2009. Penerapan Pembelajaran Kooperatif Model Make and Match pada Open Class Lesson Study di Kelas VIII A SMP PGRI Kepulungan Gempol Pasuruan Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
 54. Masniyah, Suryani, L. dan **Zubaidah, S.** 2009. Penerapan Model Jigsaw pada Materi Pertumbuhan dan Perkembangan: Pengalaman Open Class Lesson Study di SMPN 2 Gempol Pasuruan. Seminar Nasional *Lesson Study* yang Diselenggarakan FMIPA UM Bekerjasama dengan PELITA-JICA, 17 Oktober 2009.
 55. **Zubaidah, S.** 2010. Berpikir Kritis: Kemampuan Berpikir Tingkat Tinggi yang Dapat Dikembangkan melalui Pembelajaran Sains. Makalah Disampaikan pada Seminar Nasional Sains 2010 dengan Tema “Optimalisasi Sains untuk Memberdayakan Manusia” di Pascasarjana Universitas Negeri Surabaya, 16 Januari 2010.
 56. **Zubaidah, S.** 2010. Penulisan Karya Tulis Ilmiah untuk Meningkatkan Keprofesionalan Guru. Pelatihan Guru TK, MI, MTs di Bunut Pakis, 27 Januari 2010.
 57. **Zubaidah, S.** 2010. Kesehatan dan Keselamatan Kerja di Laboratorium. Workshop Peningkatan dan Pengembangan Kompetensi bagi Guru SD dan SMP daerah Terpencil Se-Jawa Timur. Diselenggarakan Diknas Jatim di Batu, 18-20 Pebruari 2010.
 58. **Zubaidah, S.** 2010. Teknik Penyusunan Laporan Hasil PTK dan Penulisan Artikel Hasil PTK. Workshop Penyusunan Karya Tulis Ilmiah. Diselenggarakan Diknas Jatim di Batu, 3-5 Maret 2010.

59. **Zubaidah, S.** 2010. Model-model Pembelajaran untuk SD dan SMP. Workshop Peningkatan dan Pengembangan Kompetensi bagi Guru SD dan SMP daerah Terpencil Se-Jawa Timur. Diselenggarakan Diknas Jatim di Batu, 8-10 Maret 2010.
60. **Zubaidah, S.** 2010. Pembelajaran Kolaboratif dan Group Investigation (Sebagai Salah Satu Teknik Pembelajaran Kolaboratif). Seminar Nasional Pembelajaran Biologi di Universitas Islam Riau, 12 Juni 2010 dengan Tema “Pengembangan Kemampuan Profesionalisme Guru melalui Pembelajaran Inovatif”.
61. **Zubaidah, S.** 2010. *Lesson Study* sebagai Salah Satu Model Pengembangan Profesionalisme Guru. Pendidikan dan Pelatihan Nasional dengan Tema Peningkatan Profesionalisme Guru melalui Kegiatan *Lesson Study*, 22 April 2010 di Universitas Brawijaya Malang.
62. Sudjimat, D. A. dan **Zubaidah.** 2010. Penelaahan Silabus yang Disusun Sekolah. Refresh Kemampuan Pimpinan Sekolah dan Anggota Litbang untuk Penilaian Kualitas Silabus-RPP dan Penyusunan Pedoman Silabus-RPP, 28 September – 1 Oktober 2010 di Yayasan Pendidikan Cendana Riau.
63. Sudjimat, D. A. dan **Zubaidah.** 2010. Penelaahan Rencana Pelaksanaan Pembelajaran yang Disusun Sekolah. Refresh Kemampuan Pimpinan Sekolah dan Anggota Litbang untuk Penilaian Kualitas Silabus-RPP dan Penyusunan Pedoman Silabus-RPP, 28 September – 1 Oktober 2010 di Yayasan Pendidikan Cendana Riau.
64. **Zubaidah, S.** dan Sudjimat, D. A. 2010. Pengembangan Indikator dalam Silabus dan RPP. Refresh Kemampuan Pimpinan Sekolah dan Anggota Litbang untuk Penilaian Kualitas Silabus-RPP dan Penyusunan Pedoman Silabus-RPP, 28 September – 1 Oktober 2010 di Yayasan Pendidikan Cendana Riau.
65. **Zubaidah, S.** 2010. Ragam Temuan pada Silabus dan Rencana Pelaksanaan Pembelajaran yang Perlu Pembetulan. Seminar Nasional Lesson Study 3 dengan Tema Peran Lesson Study dalam Meningkatkan Profesionalisme Pendidik dan Kualitas Pembelajaran di Universitas Negeri Malang pada tanggal 9 Oktober 2010.
66. Purwanti dan **Zubaidah, S.** 2010. Metode Pembelajaran Group Investigation (GI) pada Pokok Bahasan Asam, Garam dan Basa Dapat Memotivasi Siswa untuk Melakukan Penelitian. Seminar Nasional Lesson Study 3 dengan Tema Peran Lesson Study dalam Meningkatkan Profesionalisme Pendidik dan Kualitas Pembelajaran di Universitas Negeri Malang pada tanggal 9 Oktober 2010.
67. Purwanti dan **Zubaidah, S.** 2010. Penerapan Metode Role Playing Memudahkan Siswa Kelas IXD SMPN I Gempol Memahami Proses Terjadinya Seleksi Alam. Seminar Nasional Lesson Study 3 dengan Tema Peran Lesson Study dalam Meningkatkan Profesionalisme

- Pendidik dan Kualitas Pembelajaran di Universitas Negeri Malang pada tanggal 9 Oktober 2010.
68. Masniyah, Suryani, L., dan **Zubaidah, S.** 2010. Implementasi Lesson Study pada Pembelajaran Materi “Pencemaran dan Kerusakan Lingkungan Hubungannya dengan Aktivitas Manusia” Di Tiga Kelas VII SMPN 2 Gempol. Seminar Nasional Lesson Study 3 dengan Tema Peran Lesson Study dalam Meningkatkan Profesionalisme Pendidik dan Kualitas Pembelajaran di Universitas Negeri Malang pada tanggal 9 Oktober 2010.
 69. Suryani, L., Masniyah, **Zubaidah, S.** 2010. Penerapan Metode *Eksperimen* dan *STAD* pada Materi Ekskresi Manusia: Pengalaman *Open Class Lesson Study* Di SMP Negeri 2 Gempol. Seminar Nasional Lesson Study 3 dengan Tema Peran Lesson Study dalam Meningkatkan Profesionalisme Pendidik dan Kualitas Pembelajaran di Universitas Negeri Malang pada tanggal 9 Oktober 2010.
 70. Zen, AR., Corebima, AD., **Zubaidah, S.** 2010. Hubungan Keterampilan Metakognitif Dan Hasil Belajar Siswa Kelas IV Sekolah Dasar dalam Pembelajaran Sains pada Penerapan Strategi Pembelajaran *Problem Based Learning* (PBL) dan Inkuiri. Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.
 71. Mayasari, H., **Zubaidah, S.**, Mahanal, S., Corebima, AD. 2010. Kajian Tentang Pengaruh Strategi Pembelajaran PjBL (*Project Based Learning*) terhadap Keterampilan Metakognitif Siswa Putra dan Putri Kelas X SMA Negeri di Malang. Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.
 72. Basith, A., **Zubaidah, S.**, Mahanal, S. 2010. Hubungan Keterampilan Metakognitif dan Hasil Belajar Matapelajaran IPA Pada Siswa Kelas IV SD dengan Strategi Pembelajaran *Jigsaw* dan *Think Pair Share* (TPS). Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.
 73. **Zubaidah, S.** 2011. Penyusunan Penelitian Tindakan Kelas (*Classroom Action Research*). Training of Trainer Pengembangan Profesionalisme Guru Yayasan Pendidikan Cendana Riau. Kerjasama Universitas Negeri Malang dengan Yayasan Pendidikan Cendana Riau 9 – 13 Januari 2011 Di Hotel Grand Elite Pekanbaru.
 74. **Zubaidah, S.** 2011. Penyusunan Karya Tulis Ilmiah untuk Pengembangan Profesionalisme Guru. Training of Trainer Pengembangan Profesionalisme Guru Yayasan Pendidikan Cendana Riau. Kerjasama Universitas Negeri Malang dengan Yayasan

Pendidikan Cendana Riau 9 – 13 Januari 2011 Di Hotel Grand Elite Pekanbaru.

75. **Zubaidah, S.** 2011. Penyuntingan Artikel. Training of Trainer Pengembangan Profesionalisme Guru Yayasan Pendidikan Cendana Riau. Kerjasama Universitas Negeri Malang dengan Yayasan Pendidikan Cendana Riau 9 – 13 Januari 2011 Di Hotel Grand Elite Pekanbaru.

B. Bidang Biologi melalui Seminar/ Workshop/Lokakarya dan Pelatihan

1. **Zubaidah, S.** 1993. Keanekaragaman Tumbuhan Paku-pakuan di Hutan Wisata Alam Cangar Malang. Seminar Nasional Biologi XI, Ujungpandang, 20-21 Juli 1993.
2. **Zubaidah, S.** dan Sulisetijono. 1998. Jenis-jenis Tumbuhan Paku di Malang yang Berpotensi sebagai Penghasil Obat. Seminar Nasional Tanaman Obat Indonesia ke 13, Unibraw Malang, 12-13 Mei 1998.
3. **Zubaidah, S.** 1999. Beberapa Ciri *Pteris biaurita* L. yang Bertipe Diploid dan Tetraploid. Seminar Nasional Penggalang Taksonomi Tumbuhan Indonesia, Unesa Surabaya, 3-4 Desember 1999.
4. **Zubaidah, S.** 2001. Keanekaragaman Tumbuhan Paku Epifit di Daerah Malang dan Potensi Pemanfaatannya. Seminar Nasional Konservasi dan Pendayagunaan Keanekaragaman Tumbuhan Lahan Kering, LIPI-Kebun Raya Purwodadi, 30 Januari 2001.
5. **Zubaidah, S.** 2001. Tingkat Ploidi *Pteris biaurita* dan *P. tripartita* pada Beberapa Daerah di Jawa Timur. Seminar Nasional Biologi, Unesa Surabaya, 10 Pebruari 2001.
6. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2003. Deteksi CVPD pada Tanaman Jeruk dari Berbagai Daerah di Indonesia dengan Amplifikasi 16S rDNA *Liberibacter asiaticus*. Seminar Nasional Biologi – Program Studi Biologi FMIPA – ITS Surabaya, 14 Oktober 2003.
7. **Zubaidah, S.** 2003. Deteksi Bakteri CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*). Pelatihan Teknis Identifikasi Organisme Pengganggu Tanaman (OPT) Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) Bagi Staf Balai Karantina Surabaya, 3 – 15 Nopember 2003 di Universitas Brawijaya.
8. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2004. Kandungan Klorofil pada Daun Jeruk Terinfeksi CVPD dengan Berbagai Pola Klorosis. Seminar Nasional dan Temu Ilmiah, Universitas Brawijaya Malang, 21 Pebruari 2004.
9. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2004. The Distribution of Bacteria Causing Citrus Greening (*Liberibacter asiaticus*) in Infected Citrus Plants. The 3rd Indonesian Biotechnology

- Conference An International Conference and Exhibition Held at Inna Grand Bali Beach Hotel Sanur, Bali - December 1-3rd 2004.
10. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2005. Cara Isolasi DNA Daun Jeruk untuk Deteksi Bakteri *Liberibacter Asiaticus* Penyebab CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*) dengan Teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Seminar Nasional dan Kongres III Perhimpunan Bioteknologi Pertanian Indonesia (PBPI), Universitas Brawijaya – Malang, 12-13 April 2005.
 11. **Zubaidah, S.** 2005. Tipe Sitologi dan Tipe Reproduksi *Dryopteris sparsa* di Hutan Wisata Cangar Kotatif Batu. Seminar Nasional Biologi II, 23 Juli 2005 di Universitas Airlangga Surabaya.
 12. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2005. Pelacakan secara Molekuler Keberadaan Bakteri Penyebab Huanglongbing pada Daun Jeruk yang Menunjukkan Berbagai Pola Klorosis. Seminar Nasional Jeruk Tropika Indonesia di Lolitjeruk Batu, 28-31 Juli 2005.
 13. **Zubaidah, S.** 2006. Aplikasi PCR (*Polymerase Chain Reaction*) untuk Deteksi Bakteri Penyebab CVPD (*citrus vein phloem degeneration*). Pelatihan Operasional Aplikasi untuk Deteksi Penyakit CVPD dengan Metode Ekstraksi Lebih Efisien, 6 – 9 Maret 2006 di Lolit Jeruk Tlekung – Batu.
 14. **Zubaidah, S.** 2006. Penyiapan Larutan Buffer Isolasi DNA Tanaman Jeruk dan Buffer PCR. Pelatihan Operasional Aplikasi untuk Deteksi Penyakit CVPD dengan Metode Ekstraksi Lebih Efisien, 6 – 9 Maret 2006 di Lolit Jeruk Tlekung – Batu.
 15. **Zubaidah, S.** 2006. Prinsip-prinsip Teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Pelatihan Operasional Aplikasi untuk Deteksi Penyakit CVPD dengan Metode Ekstraksi Lebih Efisien, 6 – 9 Maret 2006 di Lolit Jeruk Tlekung – Batu.
 16. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2006. Identifikasi Penyebab CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*) dari Tulungagung Melalui Analisis Sekuens 16S rDNA. Seminar Nasional Biodiversitas dengan Tema Peranan Biodiversitas dalam Menunjang Kesejahteraan Hidup Manusia di Jur. Biologi FMIPA Unair Surabaya, 22 Juli 2006.
 17. **Zubaidah, S.** Wirawan, I.G.P., Syamsidi, S.R.C., Sulistyowati, L. 2006. Metode Ekstraksi DNA Buah Jeruk Dengan Konsentrasi Polisakarida Tinggi untuk Deteksi *Liberibacter Asiaticus*. Seminar Nasional Biodiversitas dengan Tema Peranan Biodiversitas dalam Menunjang Kesejahteraan Hidup Manusia di Jur. Biologi FMIPA Unair Surabaya, 22 Juli 2006.
 18. **Zubaidah, S.** 2006. Deteksi *Liberibacter asiaticus* pada Serangga Vektor CVPD (*Citrus Vein Phloem Degeneration*). Pelatihan dan Workshop Identifikasi DNA dengan Aplikasi PCR di Balai Penelitian

- Tanaman Jeruk dan Buah Subtropika, Balitbangtan, 28 Agustus – 1 September 2006.
19. **Zubaidah, S.**, Kuswanto, H. dan Saleh, N. 2006. Penetapan Skoring Ketahanan Tanaman Kedelai terhadap CPMMV (*Cowpea mild mottle virus*). Seminar Nasional Biologi dengan Tema “Tumbuhan dan Peradaban Manusia” di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 9 September 2006.
 20. **Zubaidah, S.** 2006. Keberadaan *Liberibacter asiaticus* dalam Daun Jeruk Siem dengan Berbagai Variasi Pola Klorosis. Seminar Nasional Biologi dengan Tema “Tumbuhan dan Peradaban Manusia” di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 9 September 2006.
 21. Kuswanto, H., **Zubaidah, S.**, dan Saleh, N. 2006. Skrining Plasma Nutfah Kedelai Tahan terhadap CPMMV (*Cowpea mild mottle virus*). Seminar Nasional Biologi dengan Tema “Tumbuhan dan Peradaban Manusia” di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 9 September 2006.
 22. **Zubaidah, S.** 2007. Kajian *Pteris biaurita* L. Bertipe Apogami (Apogamous type) dan Bertipe Campuran (Mixed type). Seminar Nasional dan Temu Alumni dengan tema Perkembangan Biologi dan Pendidikan Biologi untuk Mendukung Profesionalisme, di UPI Bandung, 25-26 Mei 2007.
 23. **Zubaidah, S.** 2007. Menguak Penyebab CVPD (*Citrus Vein Phloem degeneration*): Virus atau Bakteri? Seminar Nasional dan Temu Alumni dengan tema Perkembangan Biologi dan Pendidikan Biologi untuk Mendukung Profesionalisme, di UPI Bandung, 25-26 Mei 2007.
 24. **Zubaidah, S.** 2007. Mengenal Kajian dan Lingkup Bioteknologi sebagai Pendukung Pembelajaran Biologi SMA. Seminar Nasional Mewujudkan Pendidikan Bermutu dalam Era Kolaborasi dengan tema Membangun Anak Negeri dengan Pendidikan Bermutu, di Pekanbaru, 17 Nopember 2007.
 25. **Zubaidah, S.** 2007. DNA Fingerprint (Sidik Jari DNA): Teknologi Harapan Penguak Berbagai Kasus. Seminar Nasional Mewujudkan Pendidikan Bermutu dalam Era Kolaborasi dengan tema Membangun Anak Negeri dengan Pendidikan Bermutu, di Pekanbaru, 17 Nopember 2007.
 26. Zen, A., Kuswanto, H., dan **Zubaidah, S.** 2009. Studi Pewarisan Sifat Ketahanan Kedelai (*Glycine Max* L. (Merill)) Terhadap Serangan *Cowpea Mild Mottle Virus* (CPMMV) Pada Persilangan Gunitir X MLGG 0268. Seminar Nasional Biologi dengan Tema peran Biologi dalam Penyelamatan Biodiversitas Indonesia di UIN Malang, 24-25 Juli 2009.
 27. Mayasari, H., **Zubaidah, S.**, dan Kuswanto, H. 2009. Studi Pewarisan Ketahanan Kedelai (*Glycine Max* L. (Merill)) Pada Persilangan Anjasmoro X MLGG 0021 Terhadap Serangan *Cowpea Mild Mottle*

- Virus* (CPMMV). Seminar Nasional Biologi dengan Tema peran Biologi dalam Penyelamatan Biodiversitas Indonesia di UIN Malang, 24-25 Juli 2009.
28. **Zubaidah, S.**, Kuswanto, H., Saleh, N. Dan Corebima, A.D. 2009. Comparative Study on Agronomic Characters Between Resistant and Susceptible Soybean to *Cowpea Mild Mottle Virus*. Presented at International Conference on Biological Science, Faculty of Biology Universitas Gadjah Mada Yogyakarta. 16-17 Oktober 2009.
 29. **Zubaidah, S.** 2009. Genetic Variation Of *Liberibacter Asiaticus* From Some Regions In Indonesia Based On 16s RDNA Sequences. Presented At International Conference On Biological Science, Faculty of Biology Universitas Gadjah Mada Yogyakarta. 16-17 Oktober 2009.
 30. **Zubaidah, S.**, Kuswanto, H., Corebima, AD., dan Saleh, N. 2009. Pengembangan Penilaian Ketahanan Tanaman Kedelai terhadap CPMMV (*Cowpea mild mottle virus*) Berdasarkan Adanya *Foliar Symptoms Recovery*. Seminar Nasional Biologi VII di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 7 November 2009.
 31. Kuswanto, H., **Zubaidah, S.**, Saleh, N., dan Corebima, AD. 2009. Pengaruh Serangan CPMMV terhadap Morfologi dan Anatomi Kedelai. Berkala Penelitian Hayati. Seminar Nasional Biologi VII di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 7 November 2009.
 32. **Zubaidah, S.** 2009. Mengungkap Keanekaragaman Hayati di Indonesia melalui Pemanfaatan Penanda Molekuler. Seminar Nasional Biologi VII di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya, 7 November 2009.
 33. Tama, OH., Mardiyanningsih, AN., **Zubaidah, S.**, Corebima, AD., dan Kuswanto. Kombinasi Persilangan Terbaik Kedelai Tahan CPMMV Berdaya Hasil Tinggi Generasi F4 Berdasarkan Ketahanan. Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.
 34. Mardiyanningsih, AN., Tama, OH., Corebima, AD., **Zubaidah, S.**, dan Kuswanto. Penilaian Ketahanan Tanaman Kedelai Berdasarkan *Foliar Symptoms Recovery* Pada Generasi F4 Pemuliaan Kedelai Tahan Virus CPMMV Berdaya Hasil Tinggi. Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.
 35. Zen, AR., **Zubaidah S.**, dan Kuswanto, H. 2010. Pengaruh Waktu Inokulasi CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*) terhadap Ciri Morfologi, Agronomi, dan Ketahanan Beberapa Genotipe Kedelai (*Glycine Max*). Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.

36. Mayasari, H., **Zubaidah S.**, dan Kuswantoro, H. 2010. Pengaruh Lama Inokulasi CPMMV (*Cowpea Mild Mottle Virus*) terhadap Karakter Morfologi dan Agronomi Beberapa Genotipe Kedelai (*Glycine Max*). Seminar Nasional MIPA dengan Tema Peran MIPA dalam Pengembangan Teknologi dan Pendidikan Berkarakter Menuju Bangsa Mandiri di Universitas Negeri Malang, 13 Nopember 2010.

X. Karya dalam Bidang Pengembangan Bahan Pengajaran

1. Bakteri (Schizomycota). 1999, Diktat Matakuliah Botani Tumbuhan Rendah (Berpola PBMP).
2. Jamur (Fungi). 2001, Petunjuk Praktikum Matakuliah Botani Tumbuhan Rendah (Berpola PBMP).
3. Bakteri: Kajian tentang Beberapa Aspek Biologi. 2001, Individual Textbook, diterbitkan JICA.
4. Rhodophyta dan Cyanophyta. 2001, Diktat Matakuliah Botani Tumbuhan Rendah (Berpola PBMP).
5. Perkembangan Kognitif, Perkembangan Sikap dan Tingkat Proses Belajar Siswa. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
6. Sumber Alat dan Bahan Laboratorium IPA. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
7. Fungsi dan Peran Guru dan Laboran dalam Menunjang Kegiatan Belajar Mengajar. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
8. Fungsi dan Peran Laboratorium IPA dalam Menunjang Kegiatan Belajar Mengajar. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
9. Pemanfaatan Laboratorium dalam Pengembangan Pembelajaran IPA melalui Penelitian. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
10. Uji Bahan Makanan. 2002. Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
11. Pembuatan dan Pengamatan Berbagai Preparat Segar. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
12. Respirasi. 2002, Diktat Diklat Pengelola Lab. IPA SLTP untuk 6 Propinsi, Dirjendikdasmen.
13. Genetika Respon Imun. 2005. Handout Matakuliah Genetika.
14. Pewarisan Ekstrakromosom. 2005. Handout Matakuliah Genetika.
15. Regulasi Ekspresi Gen pada Prokaryot. 2005. Handout Matakuliah Genetika.
16. Pengantar Genetika Bakteri. 2006. Diktat Matakuliah Genetika.

17. Model-Model Pembelajaran Inovatif. (Pemberdayaan Berpikir Melalui Pertanyaan). Penerbit: Universitas Negeri Malang (UM Press), Cetakan I, 2007.
18. Ekstraksi DNA dan Polymerase Chain Reaction. 2008. Handout Matakuliah Teknik Analisis Biologi Molekuler.
19. Penanda Molekuler. 2009. Handout Matakuliah Teknik Analisis Biologi Molekuler.

XI. Pengabdian Kepada Masyarakat

1. Layanan Kegiatan Praktikum Golongan Darah bagi Siswa Madrasah Salafiyah Syafi'iyah (Tingkat Aliyah), Tebu Ireng, Jombang, 12 Nopember 1994.
2. Penyuluhan Gizi dan Penyusunan Menu Keluarga dengan Memanfaatkan Jenis Bahan Makanan Setempat untuk Meningkatkan Status Gizi (Nutritional Status) Keluarga bagi Ibu-Ibu PKK Desa Sukolilo Kecamatan Jabung, Kab. Malang, 30 Desember 1995.
3. Layanan Laboratorium tentang Keanekaragaman dan Anatomi Tumbuhan kepada Siswa Madrasah Aliyah Nurul Jadid, Paiton, Probolinggo, Mei 1999.
4. Layanan Laboratorium untuk Uji Golongan Darah kepada Siswa SMU Sejahtera, Prigen, Pasuruan, 10 April 1999.
5. Layanan Laboratorium tentang Keanekaragaman Tumbuhan Rendah (Bakteri, Jamur, Alga, Lumut, Paku) kepada Siswa Madrasah Aliyah Bahrul Ulum, Tajinan, Malang, 11 Juli 2000.
6. Layanan Laboratorium tentang Pengenalan Mutan-Mutan Lalat Buah *Drosophila Melanogaster* untuk Praktikum Genetika bagi Mahasiswa Jurusan Biologi STAIN Malang, 16 Desember 2000.
7. Layanan Laboratorium tentang Keanekaragaman Hewan dan Tumbuhan bagi Siswa SMP Hasan Munadi, Bangil, Pasuruan, 5 Februari 2000.
8. Layanan Laboratorium tentang Tumbuhan Ganggang, Lumut, Paku dan Ekologi kepada Para Siswa Madrasah Aliyah Nurul Jadid, Paiton, Probolinggo, 27 Mei 2000.
9. Praktikum Genetika Siswa Jendral Sudirman, Kalipare, 23 September 2002.
10. Layanan Praktikum Materi Genetika (Monohibrid, Pautan Seks) pada SMU PGRI 1 Lumajang, 18 Januari 2003.
11. Pelatihan Operasional Aplikasi PCR untuk Deteksi Penyakit CVPD dengan Metode Ekstraksi Lebih Efisien di Balitjeruk Batu, 6-9 Maret 2006.
12. Peningkatan Kemampuan Guru Biologi SMP Kota Malang dalam Memberdayakan Kemampuan Berpikir Siswa Melalui Pembelajaran Biologi, Di Kota/Kab. Malang, April S.D Nopember 2006.
13. Pelatihan Pengembangan Pembelajaran Berbasis ICT, di Yayasan Pendidikan Cendana Riau, 5 Desember 2008.

14. Pelatihan Pengembangan Pembelajaran Berbasis Web, di Yayasan Pendidikan Cendana Riau, 14-15 Januari 2009.
15. Pendampingan Karya Tulis Ilmiah PTK bagi Guru, Kepala Sekolah dan Pengawas Sekolah Berprestasi Tingkat Kota Tahun 2010, di Pasuruan, Oktober – Nopember 2009.
16. Pelatihan Penyusunan Karya Tulis Ilmiah di Tingkat Propinsi Jatim, di Dinas Propinsi Jatim, 3-5 Maret 2010.
17. Penulisan Karya Ilmiah dan Penelitian Tindakan Kelas, di SMPN 2 Rembang, 6 Mei 2010.
18. Pelatihan Peningkatan dan Penilaian kelompok Kerja Guru Kota Malang, di Malang, 31 Mei 2010.
19. Diklat Peningkatan Kompetensi Guru SMP Bidang UAN Tahun 2010 Pemerintah Kabupaten Malang, 2-10 Juni 2010.
20. Bimbingan Teknik (Bintek) Guru SMP/SMA/SMK Dinas Pendidikan Kabupaten Pasuruan, 17-29 Agustus 2010.
21. Bimbingan Teknik (Bintek) Pengembangan Pembelajaran IPA Bagi Guru Mts Se-Kabupaten Malang Jatim Di Depag Malang, Desember 2010.
22. Bimbingan Teknik (Bintek) Pengembangan Pembelajaran IPA Bagi Guru Mts Se-Jatim Di Kemenag Depag Jatim, 30 Maret 2011.

XII. Pengalaman Tambahan: Kursus/Pelatihan/Lokakarya/ Workshop

1. Kursus Bahasa Inggris di Universitas Negeri Malang (3 Bulan), 1994.
2. Magang Biologi Molekuler Di PAU IPB Bogor (1 Bulan), 2005.
3. Seminar dan Lokakarya Kependudukan dan Lingkungan Hidup Bagi Guru Sekolah Menengah Umum Se Jawa Timur, Di PKPKLH IKIP Malang, 9-10 September 1994.
4. Seminar dan Lokakarya Pengelolaan dan Metodologi Pengabdian Kepada Masyarakat bagi Dosen IKIP Malang dan Perguruan Tinggi Swasta Angkatan Ke-13, di IKIP Malang, 1994.
5. Seminar dan Lokakarya Kepenasihatan Akademis Angkatan VI UPT UBKM IKIP Malang, di IKIP Malang, 15-16 Maret 1995.
6. Seminar dan Lokakarya Pendidikan Lingkungan Hidup Dosen PTN dan PTS Se Jawa Timur dan Jawa Tengah, Di PKPKLH IKIP Malang, 10-13 Juli 1995.
7. Pelatihan Pembelajaran Sains dengan Pendekatan Sains Teknologi Masyarakat, di Malang, 12-15 Juli 1999.
8. Information Education Workshop FMIPA, Di FMIPA UM, 24-30 Nopember 2000.
9. Workshop Calon Fasilitator Kolaborasi FMIPA UM – MGMP MIPA Kota Malang, Di FMIPA UM, 20 Maret 2004.
10. Workshop Nasional Bioinformatika, di Surakarta, 10 Juni 2005.
11. Workshop Piloting Pembelajaran Biologi Tingkat Regional Jawa Timur, 12 Maret 2005.

12. Seminar dan Workshop Lesson Study dalam Rangka Peningkatan Kualitas Pembelajaran, di FMIPA UM, 21 Juni 2005.
13. Pelatihan dan Workshop bagi Para Dosen, Guru Dan Mahasiswa Sains Biologi dalam Rangka RUUK VA, Di UM, 25 Juni 2005.
14. Penataran dan Lokakarya Metodologi Penelitian Khusus Program Hibah Bersaing, Hibah Pekerti, Hibah Pascasarjana dan Rapid Tahun 2005, di ITS Surabaya, 29-31 Agustus 2005.
15. Workshop Lesson Study, di FMIPA UM, 6 April 2006.
16. Seminar dan Lokakarya Buku Teks, Di Lemlit UM, 24 Nopember 2009.
17. Seminar dan Lokakarya Teknik Penulisan Artikel Hasil Penelitian, di Lemlit UM, 16-17 Desember 2009.
18. Pelatihan Monev Internal IV Tahun 2010 PHK Berbasis Institusi di UM, 8-9 April 2010.

XIII. Pengalaman Tambahan: Peserta Pertemuan Ilmiah/Seminar

1. Seminar Sehari: Menyambut Tahun Wanita 1994, Upaya Pusat Studi Wanita dalam Pembangunan Berwawasan Gender, di Lemlit IKIP Malang, 9 April 1994.
2. Seminar Regional: Lingkungan Hidup dan Budaya Indonesia di IKIP Malang, 27 Juli 1994.
3. Seminar Nasional Burung Berkicau, di FE UNAIR Surabaya, 15 Desember 1994.
4. Seminar Sehari Perkembangan Kemotaksonomi dan Penyebarannya dalam Penelitian Bahan Alami Nabati di Indonesia, di Unair Surabaya, 28 Januari 1995.
5. Seminar Sehari Pelestarian Keanekaragaman Hayati Melalui Konservasi Lahan Terbuka Hijau di Tengah Kota dan Sumbangannya dalam Pembangunan Berjalanjutan, di IKIP Malang, 30 September 1995.
6. Perspektif Pendidikan MIPA dalam Upaya Menunjang Keberhasilan Pembangunan Nasional, di IKIP Malang, 29-30 Desember 1995.
7. Implementasi Sains Teknologi Masyarakat (STM) di Sekolah, di IKIP Malang, 25 Juni 1997
8. Seminar Nasional: Sekolah Sebagai Basis Pendidikan, di UM, 10 Juni 2000.
9. Seminar Nasional: Pengembangan Kreativitas Anak untuk Menyiapkan Sumber Daya Manusia yang Berkualitas Dalam Era Globalisasi, di UM, 29 Juli 2000.
10. Seminar International: Ecology and Health Safety Aspects of Genetically Modified Agricultural Products, di Unibraw, 20 Mei 2001.
11. Seminar Nasional: Seminar Nasional Teori Evolusi dalam Sudut Pandang Ilmu Pengetahuan Modern, di UM, 25-26 Juni 2002.
12. Seminar: Hasil Penelitian Tanaman Kacang-Kacangan dan Umbi-Umbian, di UM, 25-26 Juni 2002.

13. Seminar Nasional Bioteknologi: Bioetika Rekayasa Genetika dalam Perspektif Islam, di UMM, 6 Maret 2003.
14. Seminar Nasional: Peran Kendali Mutu untuk Menunjang Produk Pertanian Organik dalam Era Perdagangan Bebas, di HPTI Surabaya, 7 Juni 2003.
15. Seminar Pemanfaatan Serangga Untuk Pengendalian Hama Ramah Lingkungan dan Deteksi Pencemaran Air, di Malang, 10 Juni 2003.
16. Seminar Nasional: Exchange Experience Pembelajaran MIPA Kontektual Menyongsong Implementasi Kurikulum Berbasis Kompetensi, di FMIPA UM, 9 Juli 2003.
17. Seminar: Basic Molecular Biology Course on Mitochondrial Medicine, di Unibraw, 2 Agustus 2003.
18. Seminar Nasional Bioteknologi: Aplikasi Bioteknologi dalam Konservasi Sumber Daya Hayati dan Arah Pengembangannya di Indonesia, di UM, 29 Maret 2004.
19. Seminar Sehari Forum Komunikasi Pengembang Ilmu-Ilmu Hayati, di Unibraw, 8 Mei 2004.
20. Seminar Nasional MIPA dan Pembelajarannya, di FMIPA UM, 5 September 2005.
21. Sosialisasi Program Fellowship for Women In Science, di Surabaya, 13 April 2006.