

## DAFTAR ISI

	<b>Halaman</b>
<b>HALAMAN JUDUL .....</b>	<b>i</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN .....</b>	<b>ii</b>
<b>PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN .....</b>	<b>iii</b>
<b>PRAKATA .....</b>	<b>iv</b>
<b>DAFTAR ISI .....</b>	<b>vi</b>
<b>DAFTAR TABEL .....</b>	<b>viii</b>
<b>DAFTAR GAMBAR .....</b>	<b>ix</b>
<b>DAFTAR LAMPIRAN .....</b>	<b>x</b>
<b>INTISARI .....</b>	<b>xi</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>xii</b>
 <b>I. PENDAHULUAN</b>	
A. Latar Belakang .....	1
B. Rumusan Masalah .....	3
C. Tujuan Penelitian .....	4
D. Manfaat Penelitian .....	4
E. Ruang Lingkup Penelitian .....	4
 <b>II. TINJUAN PUSTAKA</b>	
A. Katak Baram ( <i>Pulchrana baramica</i> Boettger, 1990) .....	5
B. Gen Mitokondria <i>16S</i> rRNA .....	6
C. Variasi Genetik .....	8
D. <i>Cryptic Species</i> .....	9
E. <i>Species Delimitation</i> .....	9
 <b>III. LANDASAN TEORI DAN HIPOTESIS</b>	
A. Landasan Teori .....	10
B. Hipotesis .....	10
 <b>IV. METODE</b>	
A. Lokasi Pengambilan dan Penyimpanan Sampel .....	11
B. Bahan .....	13
C. Alat .....	13

D. Prosedur Kerja .....	14
1. Isolasi DNA Sampel Otot .....	14
2. Isolasi Sampel <i>Raw</i> DNA .....	15
3. Amplifikasi DNA .....	16
4. Elektroforesis .....	16
5. Analisis Data .....	17
<b>V. HASIL DAN PEMBAHASAN</b>	
A. Hasil Amplifikasi dan Similaritas .....	19
B. Variasi Genetik Intrapopulasi .....	22
C. Analisis Filogenetik .....	26
<b>VI. SIMPULAN DAN SARAN</b>	
A. Simpulan .....	43
B. Saran .....	43
<b>RINGKASAN .....</b>	44
<b>SUMMARY .....</b>	47
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	50
<b>LAMPIRAN .....</b>	56

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
<b>Gambar 1.</b> Skema Genom Mitokondria .....	7
<b>Gambar 2.</b> Peta pengambilan sampel katak pada penelitian ini .....	11
<b>Gambar 3.</b> Elektroforegram amplifikasi gen <i>16S</i> rRNA Sampel dan Marker .....	20
<b>Gambar 4.</b> Rekonstruksi Pohon Filogenetik Berdasarkan Topologi <i>Neighbor-Joining</i> (NJ), <i>Maximum-Likelihood</i> (ML), <i>Bayesian Inference</i> (BI) dan outgrup berdasarkan sekuen gen <i>16S</i> rRNA .....	32
<b>Gambar 5.</b> <i>Principal Coordinate Analysis</i> (PcoA) Sampel katak dan empat data tambahan dari <i>GenBank</i> dengan panjang fragmen 456 bp .....	41
<b>Gambar 6.</b> <i>Species Network</i> interpopulasi sampel katak pada penelitian ini dan data <i>GenBank</i> dari wilayah Indonesia berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA .....	42

## DAFTAR TABEL

	Halaman
<b>Tabel 1.</b> Lokasi pengambilan tiap sampel yang diteliti .....	12
<b>Tabel 2.</b> Pengaturan siklus pada amplifikasi PCR .....	16
<b>Tabel 3.</b> Panjang fragmen (bp) gen mitokondria <i>16S</i> rRNA pada sampel katak yang diteliti dan lokasi pengambilan sampel ....	22
<b>Tabel 4.</b> Komposisi nukleotida (%) interpopulasi gen <i>16S</i> rRNA sampel katak pada penelitian ini .....	24
<b>Tabel 5.</b> Hasil analisis BLAST sekuen gen <i>16S</i> rRNA sampel katak dengan database <i>GenBank</i> .....	25
<b>Tabel 6.</b> Persentase (%) jarak genetik sampel katak pada penelitian ini berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA .....	30
<b>Tabel 7.</b> Persentase (%) jarak genetik sampel katak pada penelitian ini dan <i>GenBank</i> berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA .....	31
<b>Tabel 8.</b> Variasi Genetik Interpopulasi berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA sampel pada penelitian ini ( <i>gap</i> tidak dipertimbangkan).....	33
<b>Tabel 9.</b> Variasi Genetik Interpopulasi berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA sampel pada penelitian ini ( <i>gap</i> tidak dipertimbangkan).....	36
<b>Tabel 10.</b> Variasi Genetik Interpopulasi berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA 10 sampel pada penelitian ini dan 4 data <i>GenBank</i> ( <i>gap</i> tidak dipertimbangkan).....	36
<b>Tabel 11.</b> Situs polimorfisme semua sampel katak pada penelitian ini dan 4 data dari <i>GenBank</i> berdasarkan gen <i>16S</i> rRNA .....	37
<b>Tabel 12.</b> Data haplotipe sampel katak pada penelitian ini dan 4 data tambahan dari <i>GenBank</i> dengan panjang fragmen 456 bp .....	38

## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
<b>Lampiran 1.</b> Sekuen gen mitokondria <i>16S</i> rRNA (456 bp) .....	56