

Alat Biodiversiti untuk Penerokaan Sumber Marin

Dibiayai oleh Kesatuan Eropah. Walau bagaimanapun, pandangan dan pendapat yang dinyatakan adalah pandangan pengarang sahaja dan tidak semestinya mencerminkan pandangan Kesatuan Eropah atau Agensi Eksekutif Pendidikan dan Kebudayaan Eropah (EACEA). Kesatuan Eropah mahupun EACEA tidak boleh dipertanggungjawabkan ke atas mereka.

Projek: 101129136 — SustainaBlue — ERASMUS-EDU-2023-CBHE



Co-funded by
the European Union

RAKAN KONGSI PROJEK

Malaysia



Indonesia



Greece



Cyprus



Dibiayai oleh Kesatuan Eropah. Walau bagaimanapun, pandangan dan pendapat yang dinyatakan adalah pandangan pengarang sahaja dan tidak semestinya mencerminkan pandangan Kesatuan Eropah atau Agensi Eksekutif Pendidikan dan Kebudayaan Eropah (EACEA). Kesatuan Eropah mahupun EACEA tidak boleh dipertanggungjawabkan ke atas mereka.

Projek: 101129136 — SustainaBlue — ERASMUS-EDU-2023-CBHE

Objektif

01

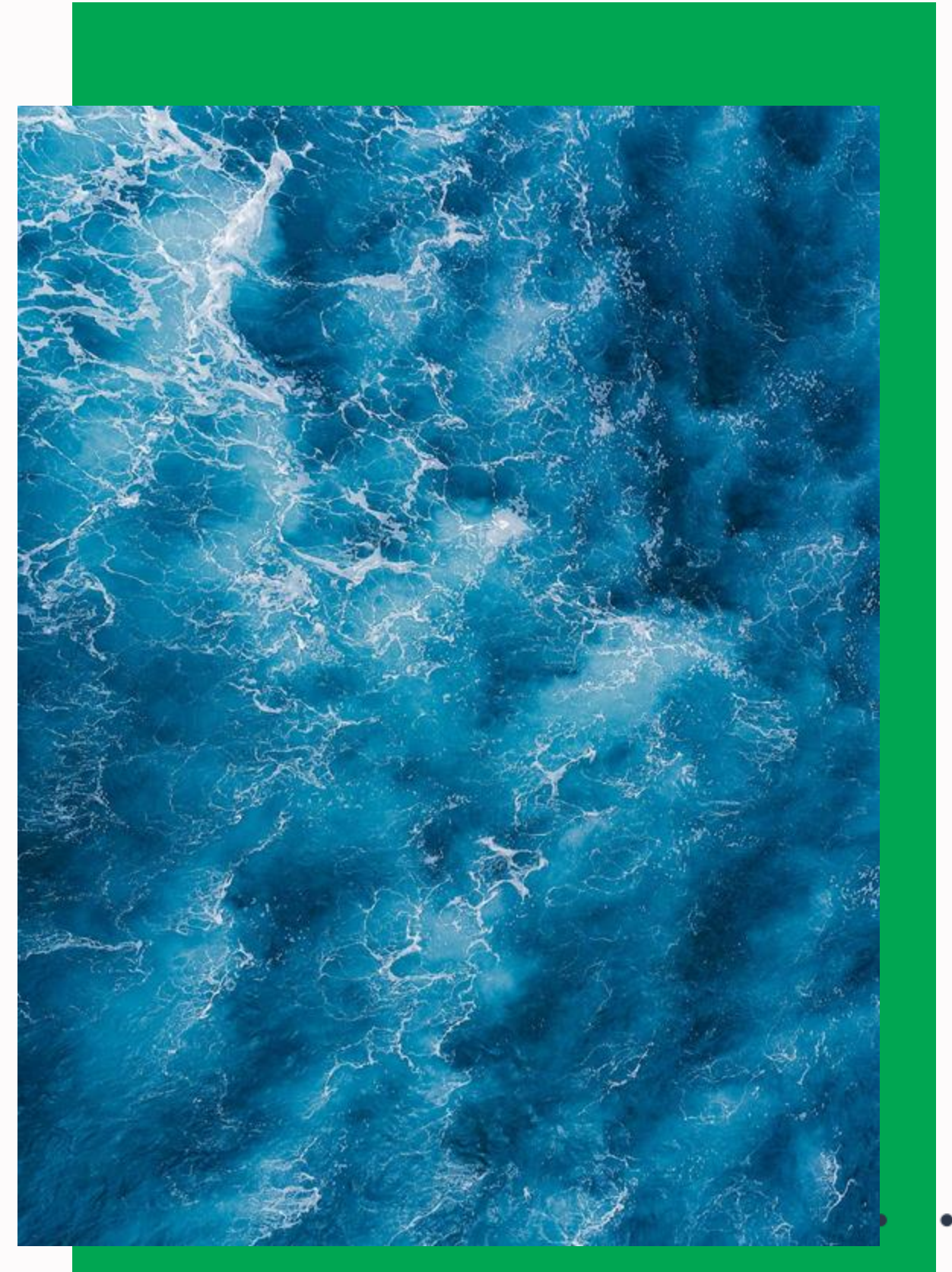
Fahami prinsip asas sains omik dan pengekodan bar DNA dalam bioteknologi marin.

02

Fahami aplikasi omik dan pengekodan bar DNA dalam pemuliharaan, perikanan dan bioprospek.

03

Fahami prinsip analisis biodiversiti berdasarkan pendekatan GIS integratif.



Hasil Pembelajaran

01

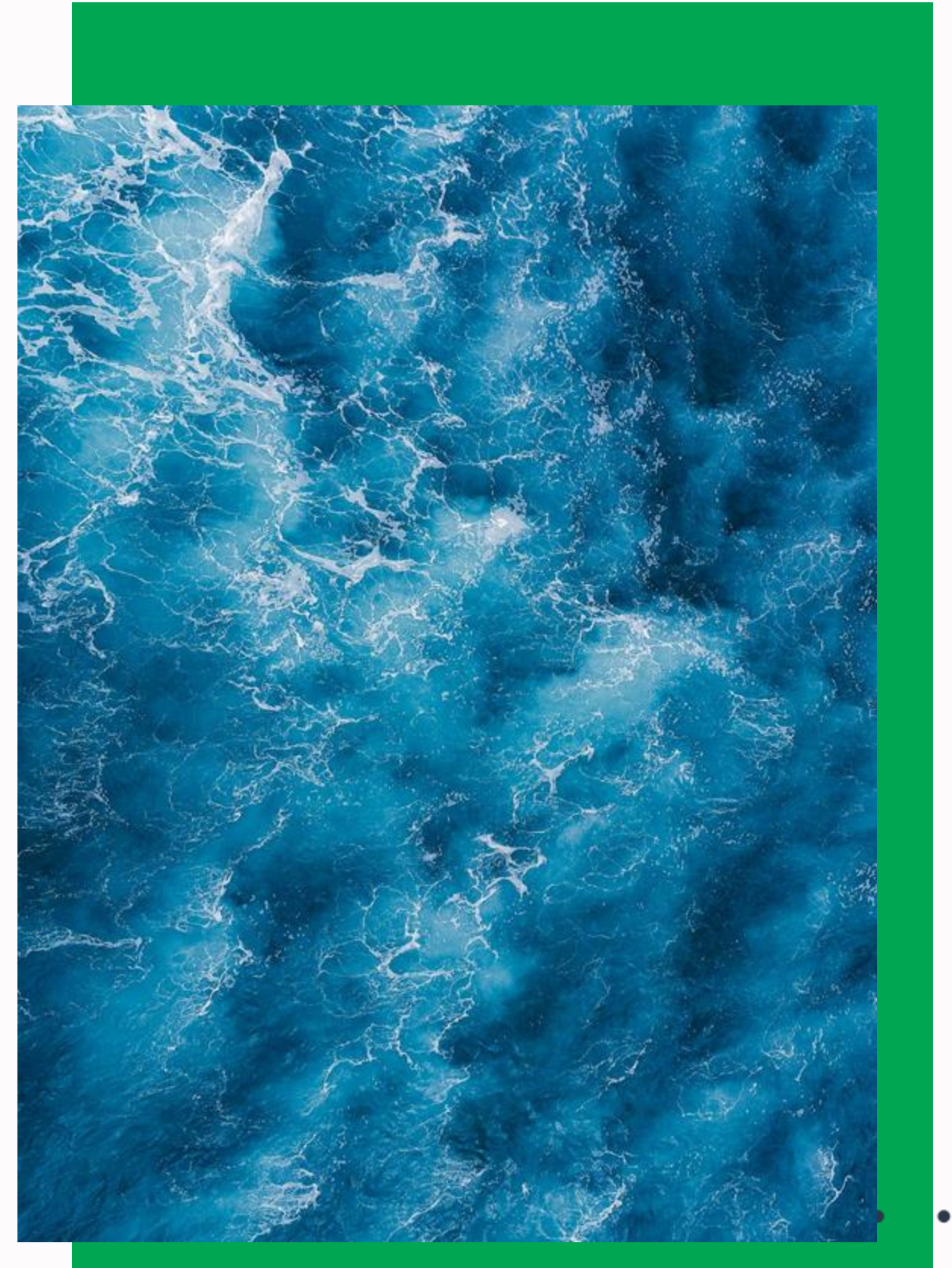
Peserta dapat menerangkan prinsip asas sains omik dan pengekodan bar DNA dalam skop bioteknologi marin.

02

Peserta dapat menganalisis aplikasi omik dan pengekodan bar DNA dalam pemuliharaan, perikanan dan bioprospek.

03

Peserta dapat menyepadukan pendekatan GIS dan sains omik dalam analisis biodiversiti persekitaran marin.



Jadual Kandungan

01

Pendekatan Omik dalam Bioteknologi Marin

02

Teknologi Pengekodaan Bar DNA dalam
Pengenalpastian Spesies dan Analisis Biodiversiti

03

Aplikasi Omik dan Pengekodaan Bar DNA dalam
Pemuliharaan, Perikanan, dan Bioprospeksi

04

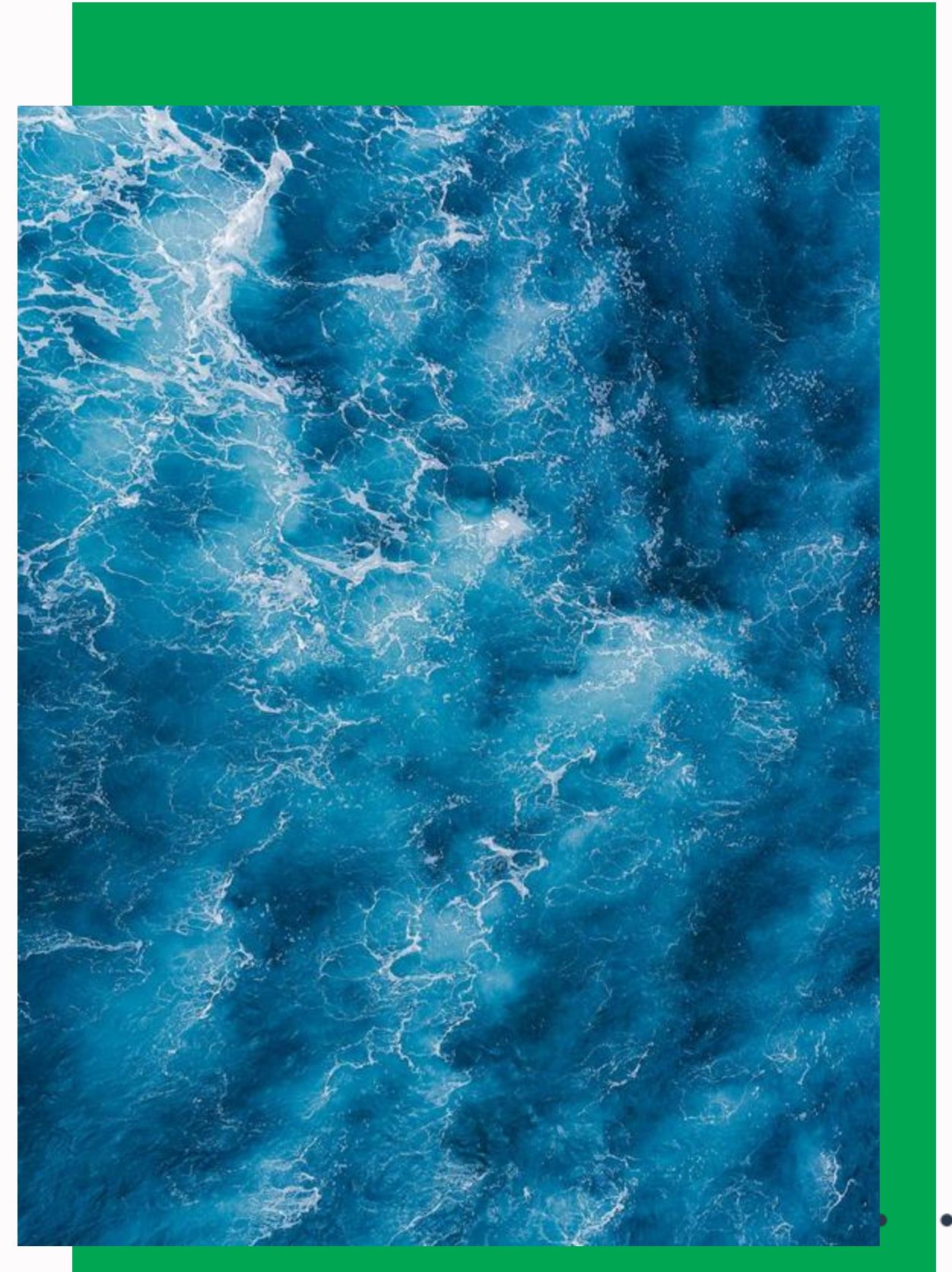
Analisis Biodiversiti Integratif berasaskan GIS

05

Kesimpulan

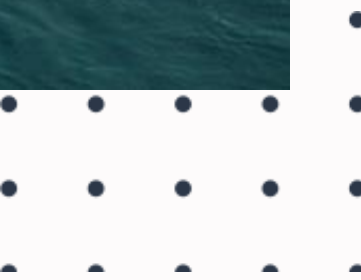
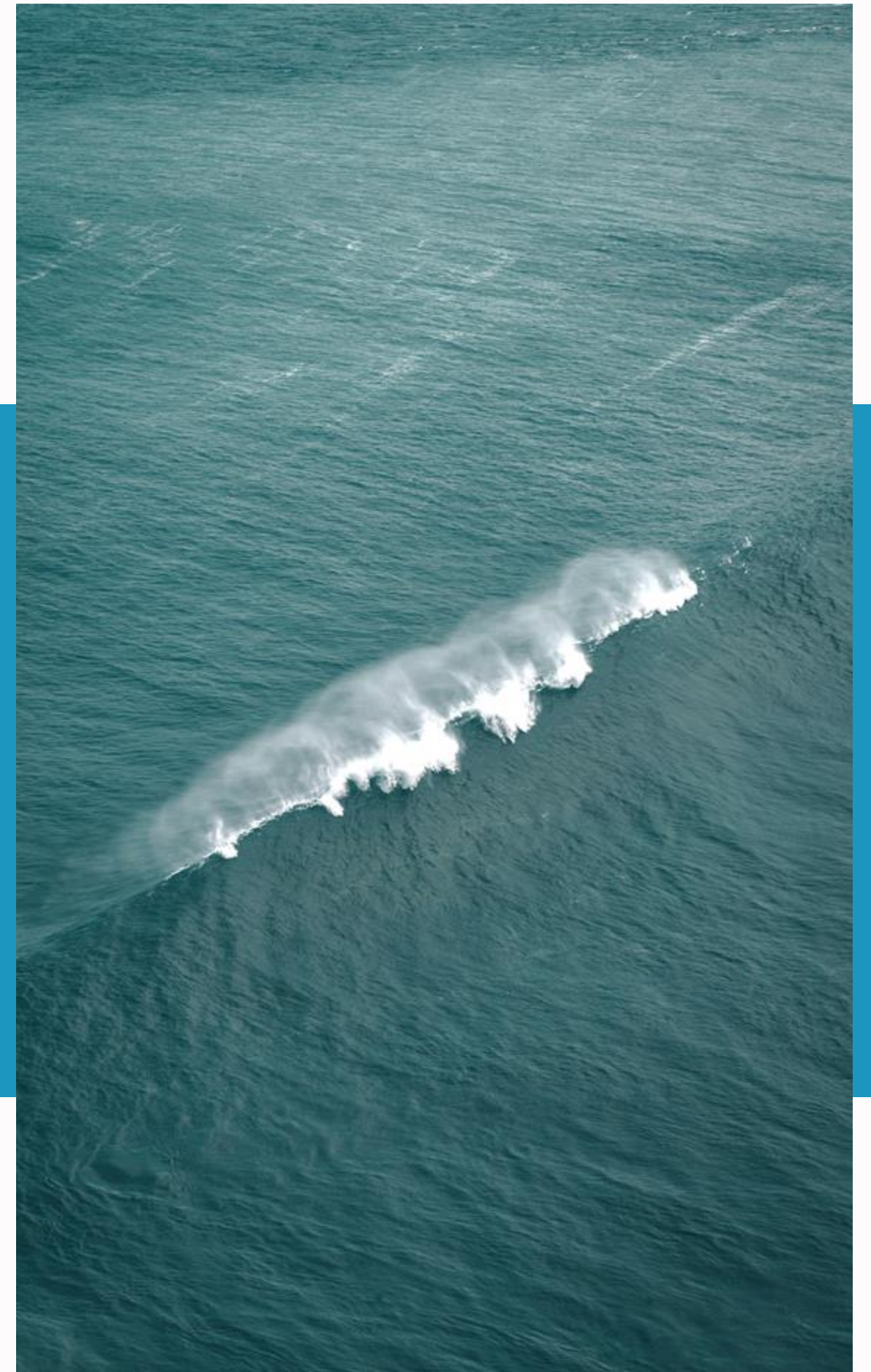
06

Rujukan



01

Pendekatan Omik dalam Bioteknologi Marin



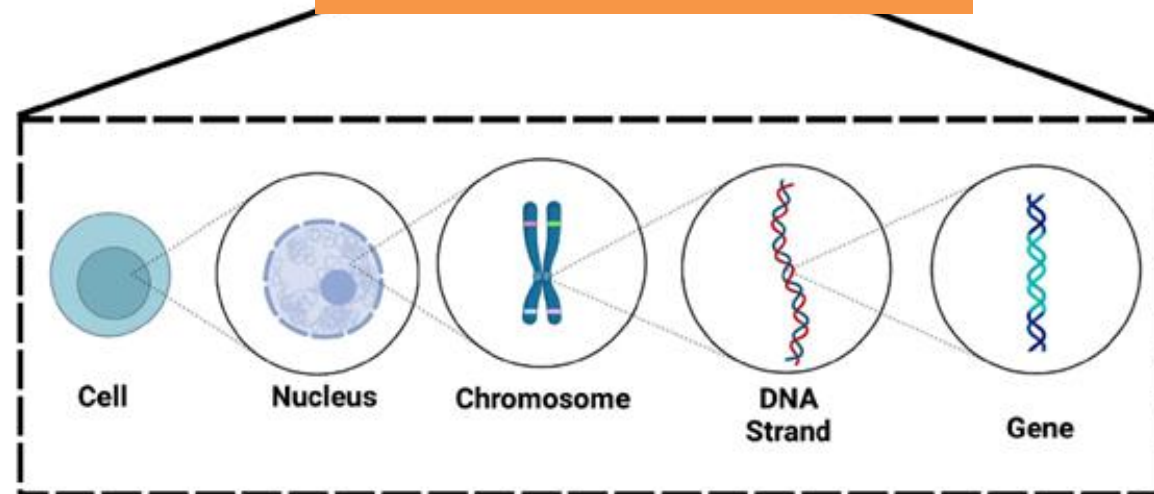
Pengenalan kepada Sains Omik

Sains Omik dalam Sistem Biologi

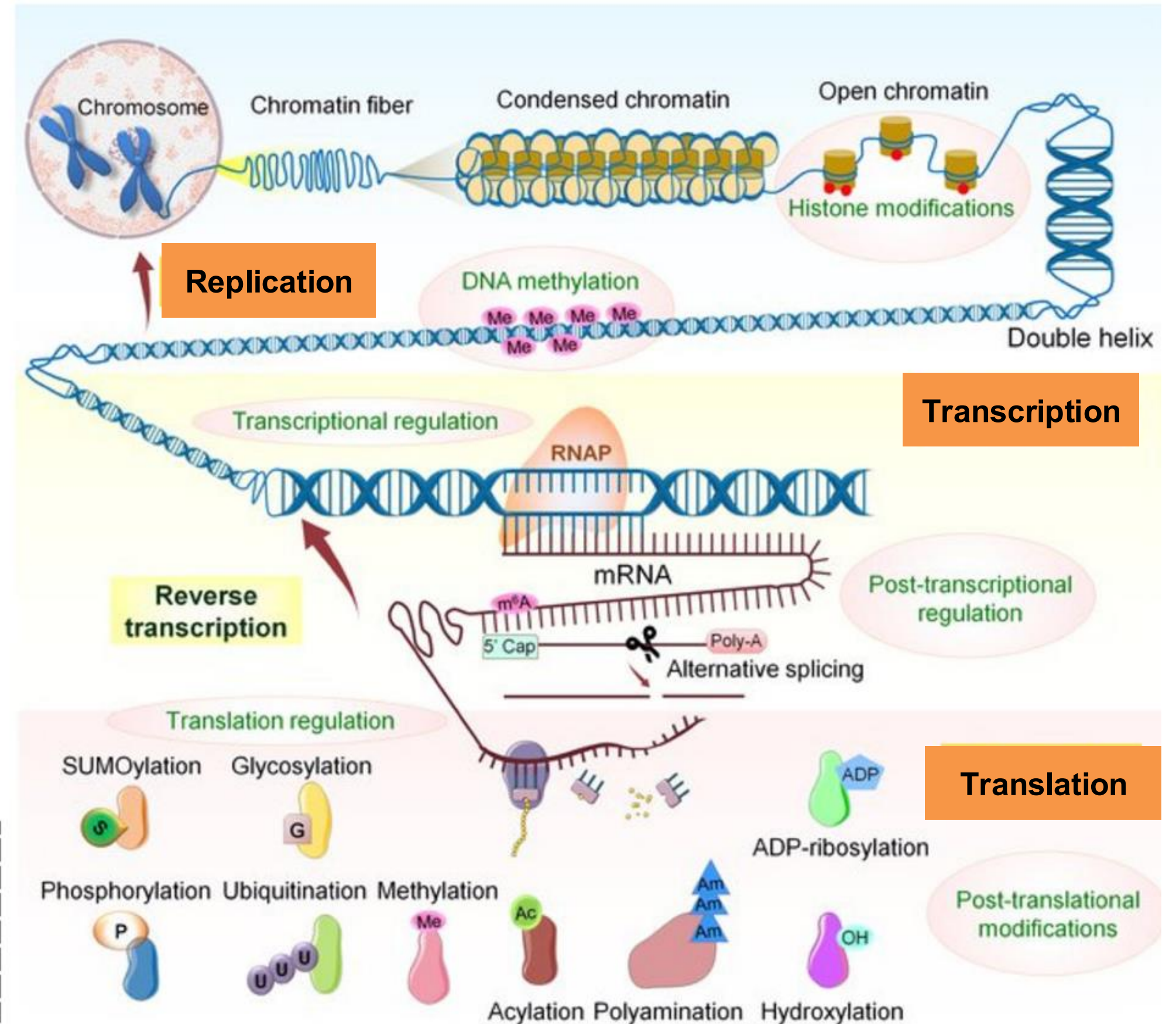
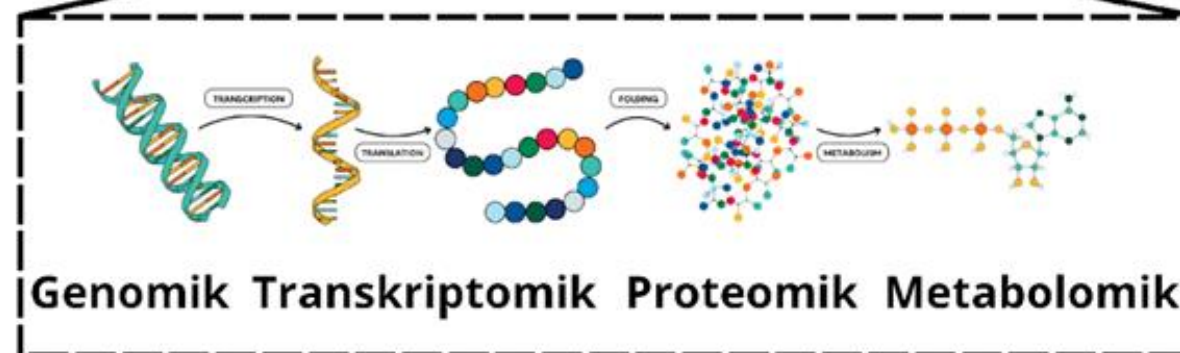
Marine Biodiversity



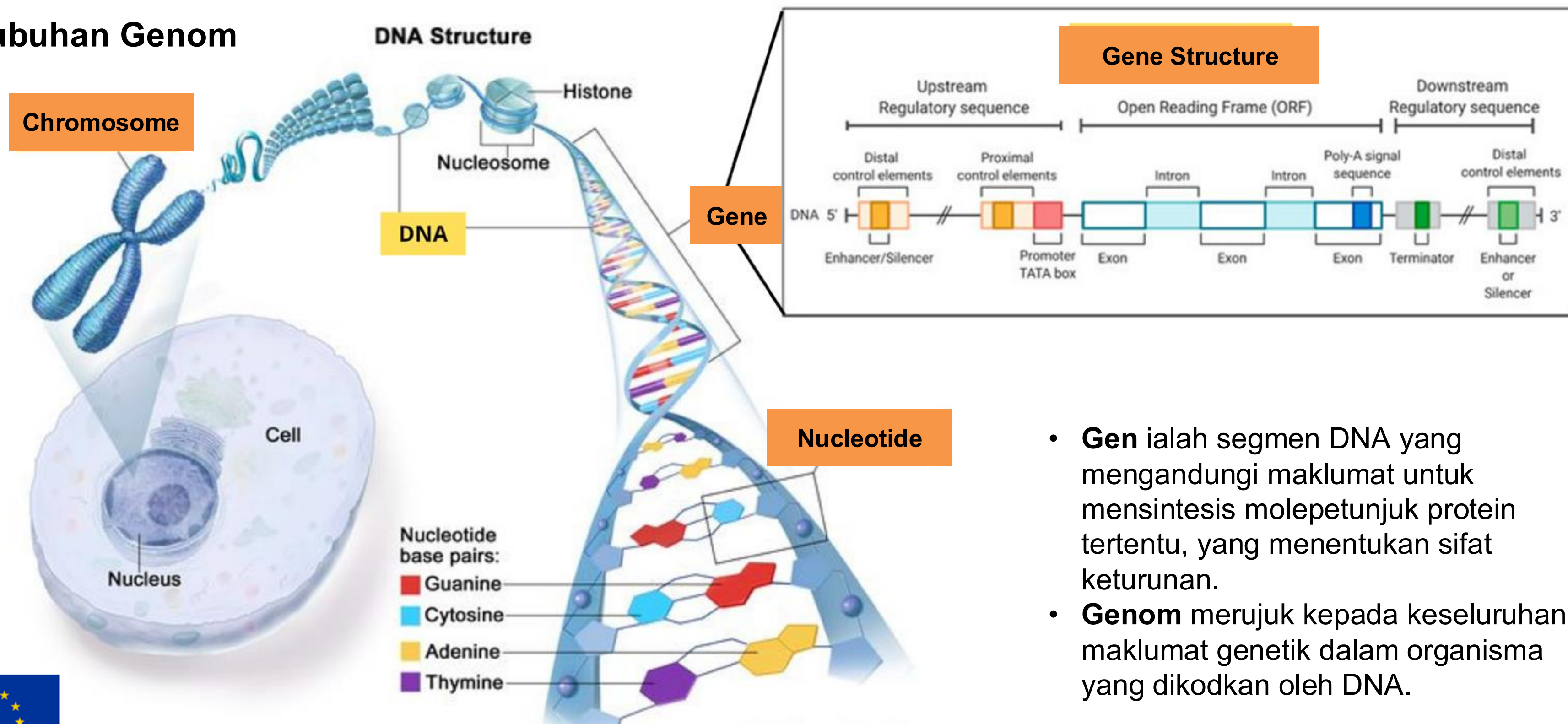
Biological Systems



Omics Science

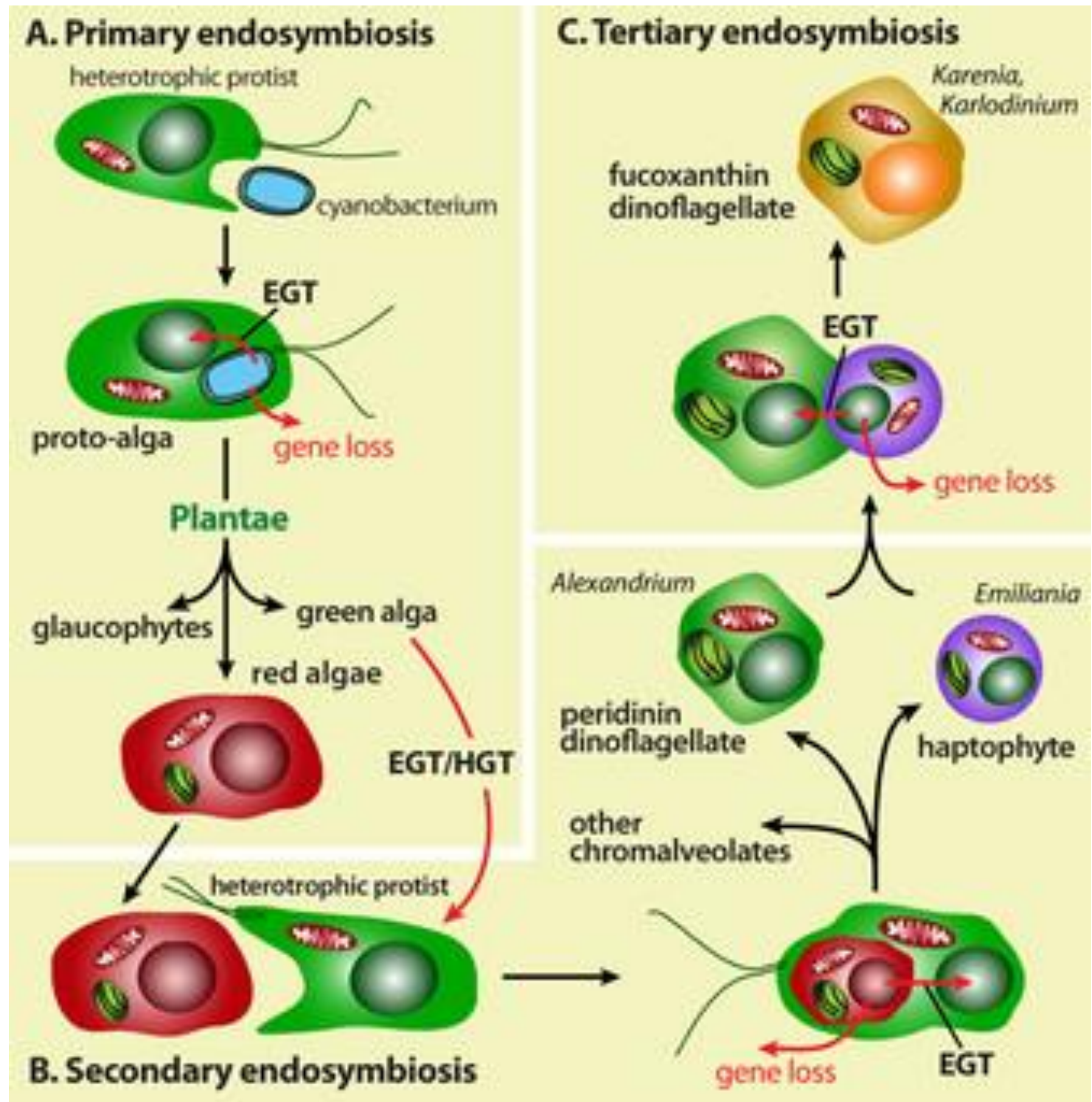
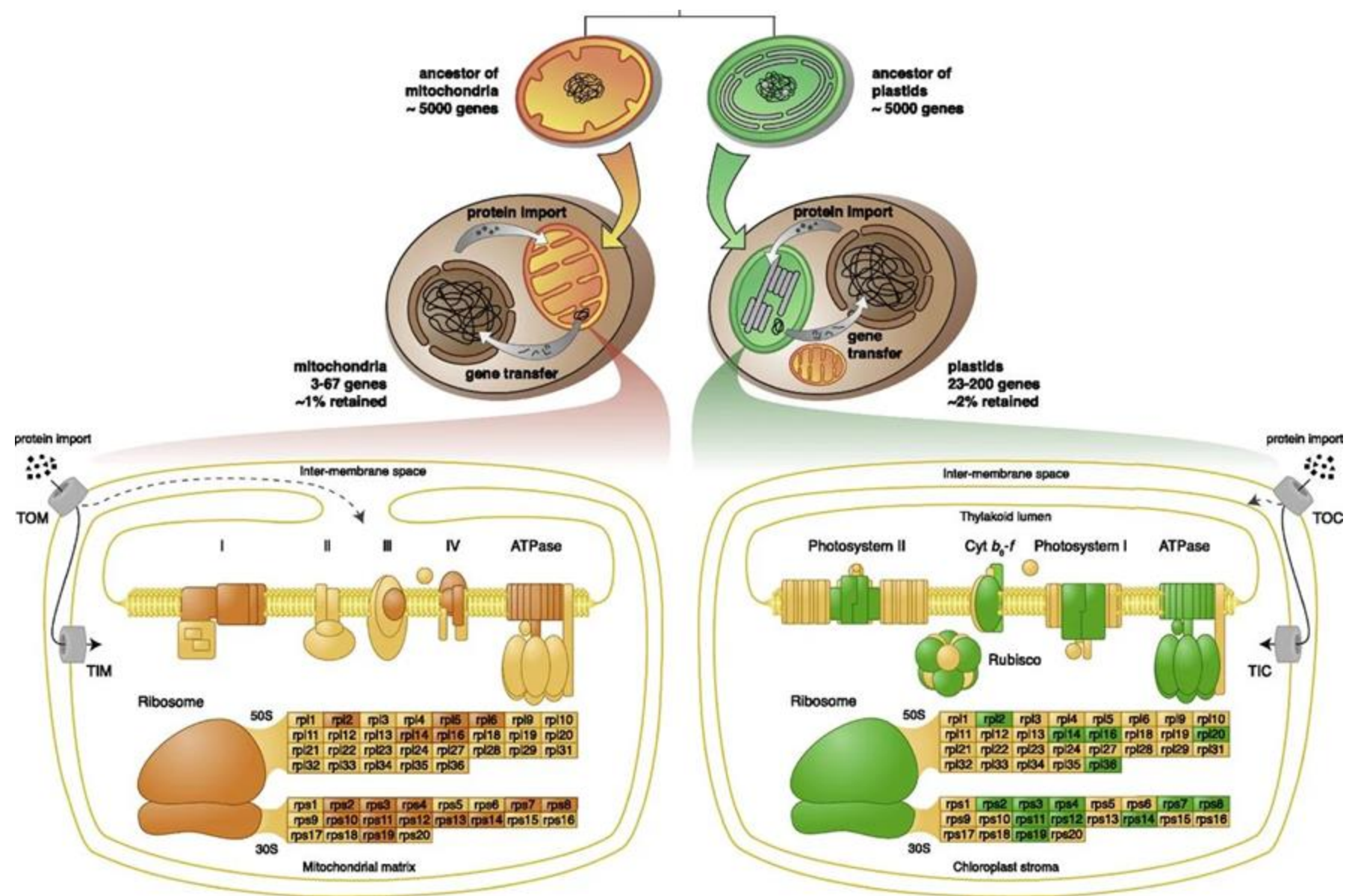


Pertubuhan Genom

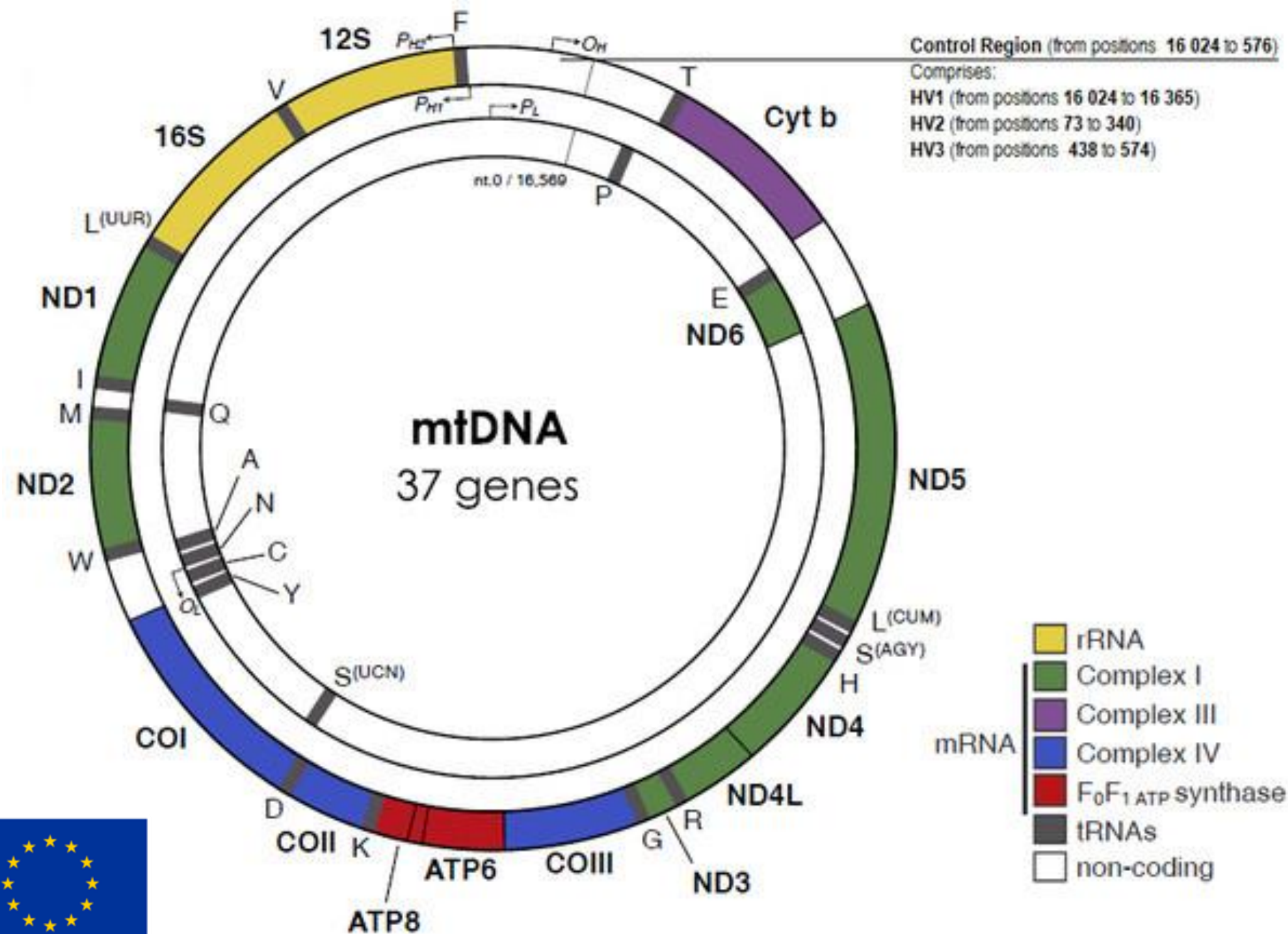


- **Gen** ialah segmen DNA yang mengandungi maklumat untuk mensintesis molekul protein tertentu, yang menentukan sifat keturunan.
- **Genom** merujuk kepada keseluruhan maklumat genetik dalam organisma yang dikodkan oleh DNA.

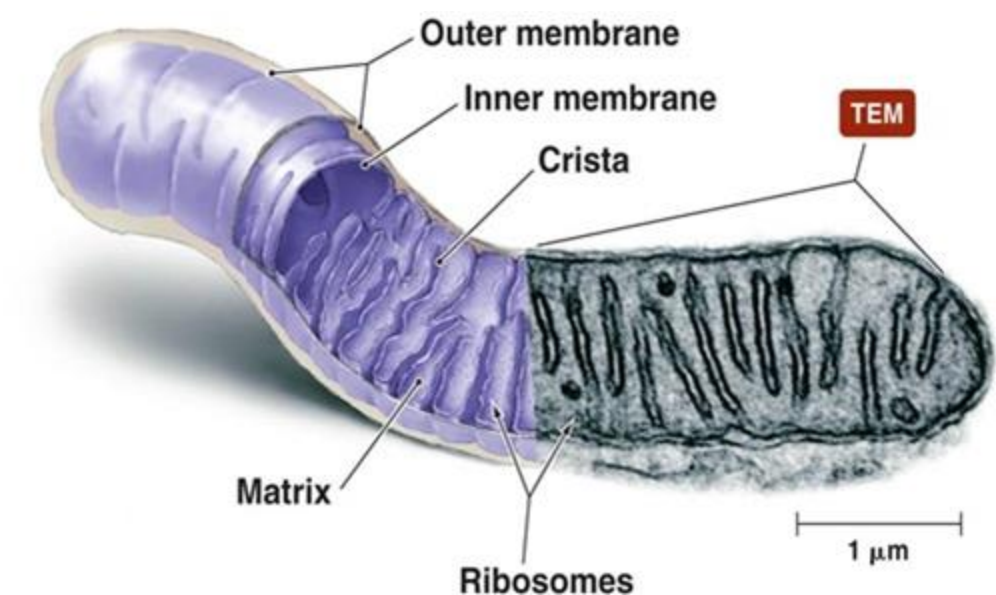
Teori Endosimbiosis



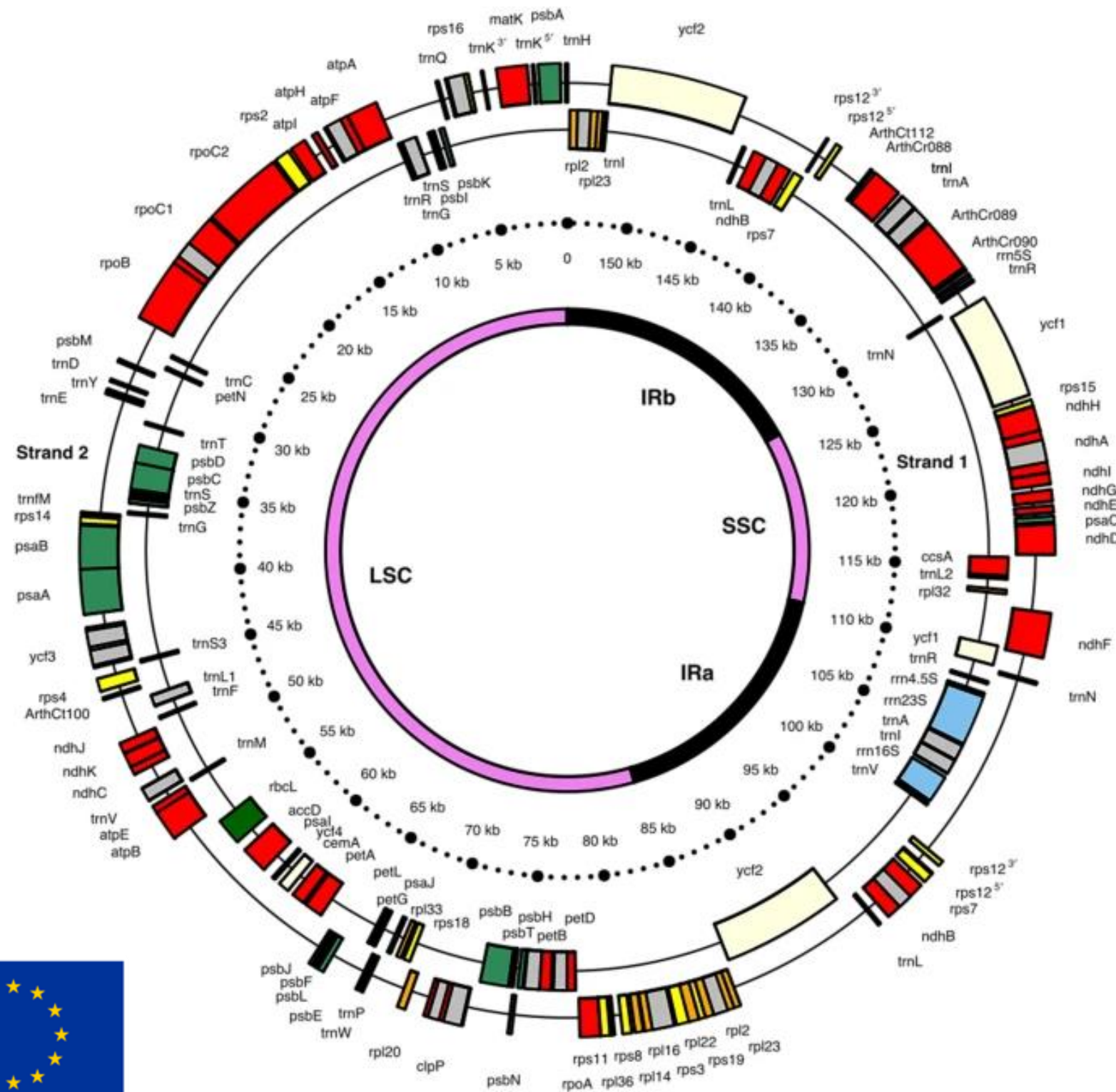
Genom Organel



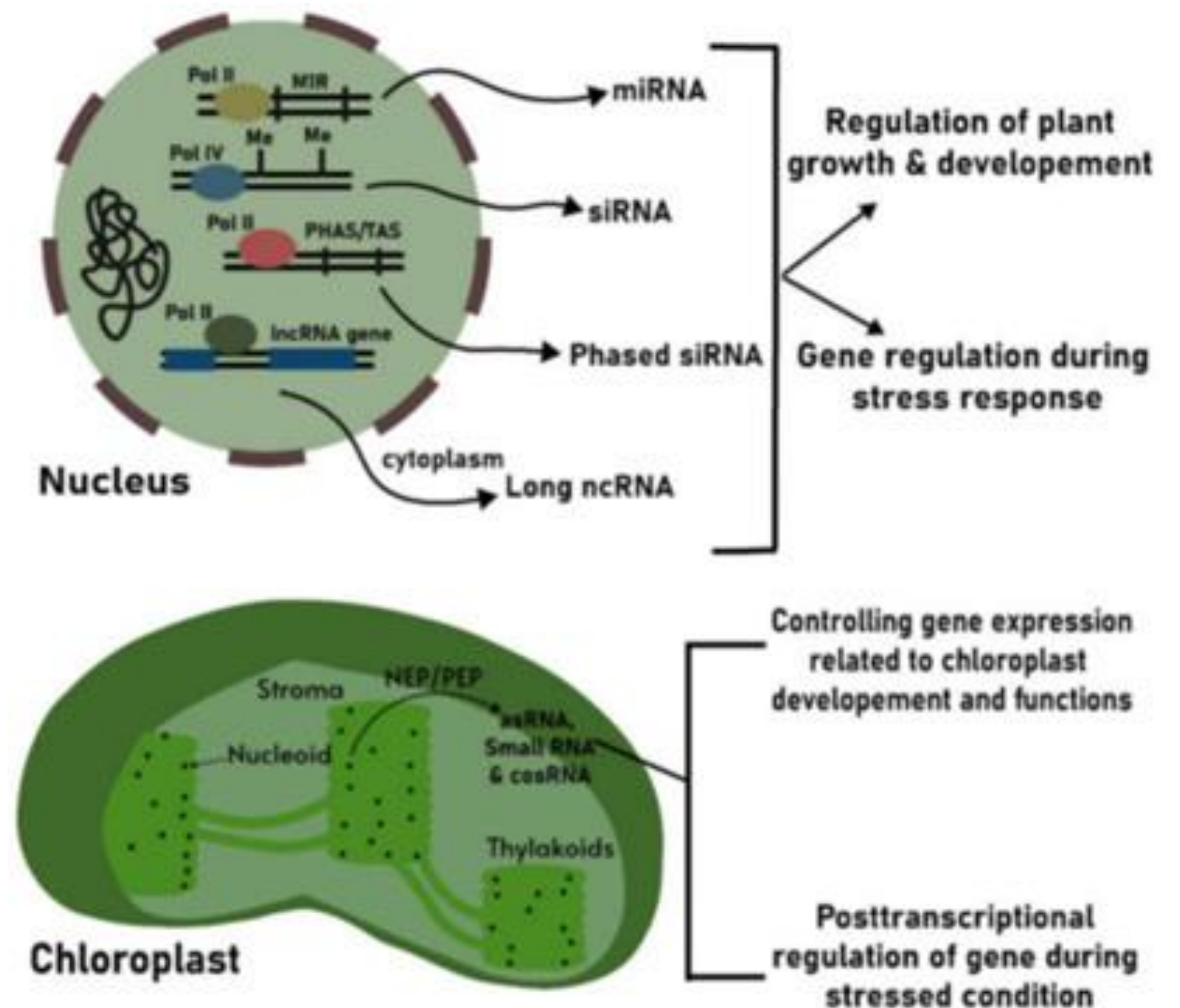
Genom Nuklear	Genom Mitokondria
3 bilion pasangan asas (manusia)	~16,569 pasangan asas (manusia)
Linear	Pusingan
Mengandungi histon	Tidak mengandungi histon
Mengikuti warisan Mendelian	Mengikut warisan ibu
~93% jujukan bukan pengekodan	~3% jujukan bukan pengekodan
Mengikut peraturan penggunaan kodon sejagat	Sesetengah kodon tidak mengikut peraturan sejagat
Transkripsi monocistronic	Transkripsi polisistronik
Replikasi bergantung kepada mitosis	Replikasi tidak bergantung kepada mitosis
Satu Salinan setiap sel	Berbilang Salinan setiap sel



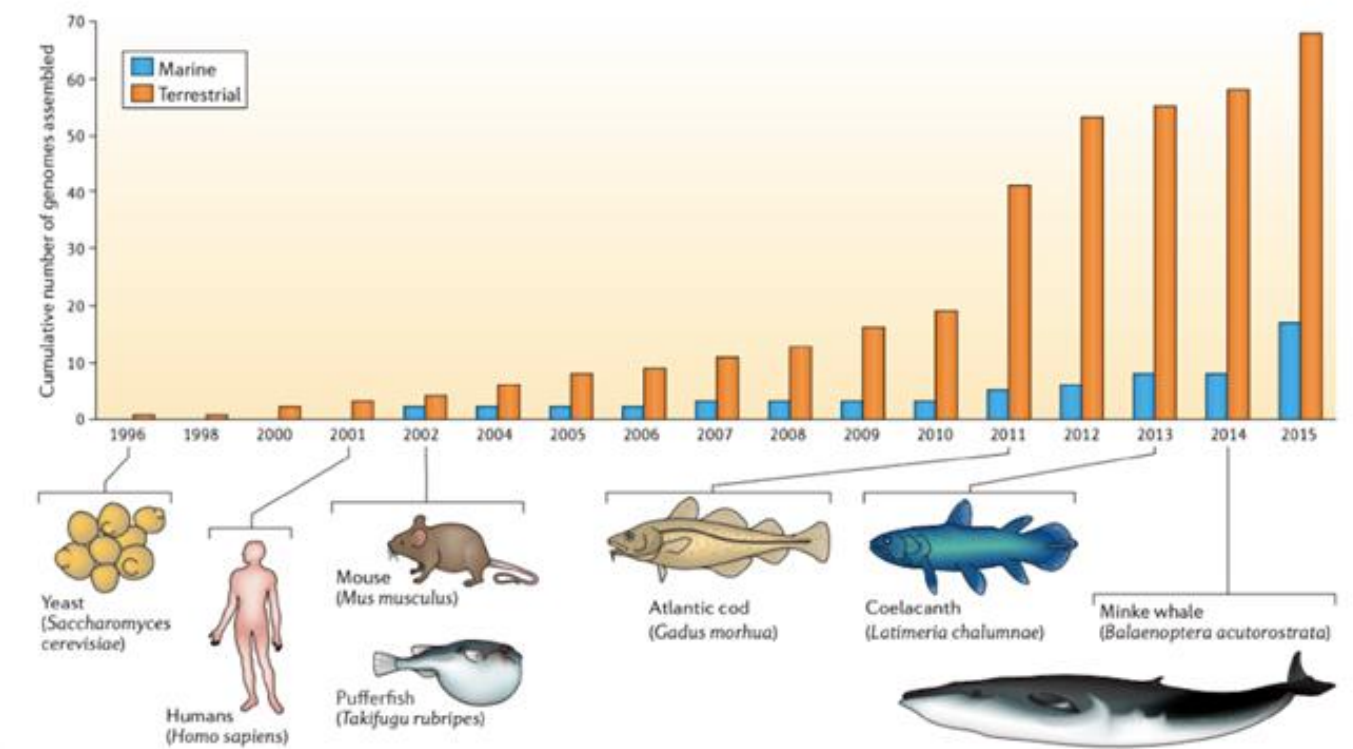
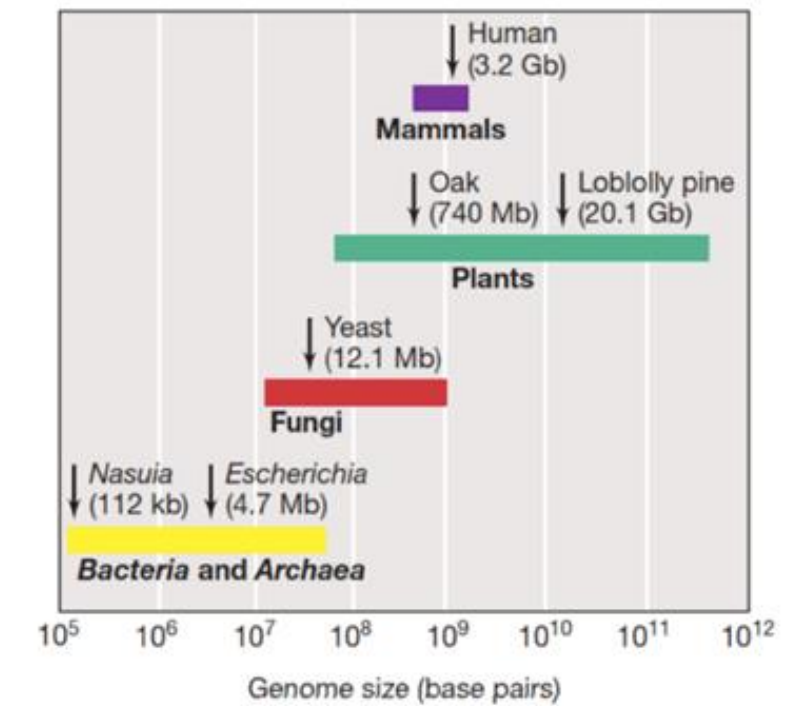
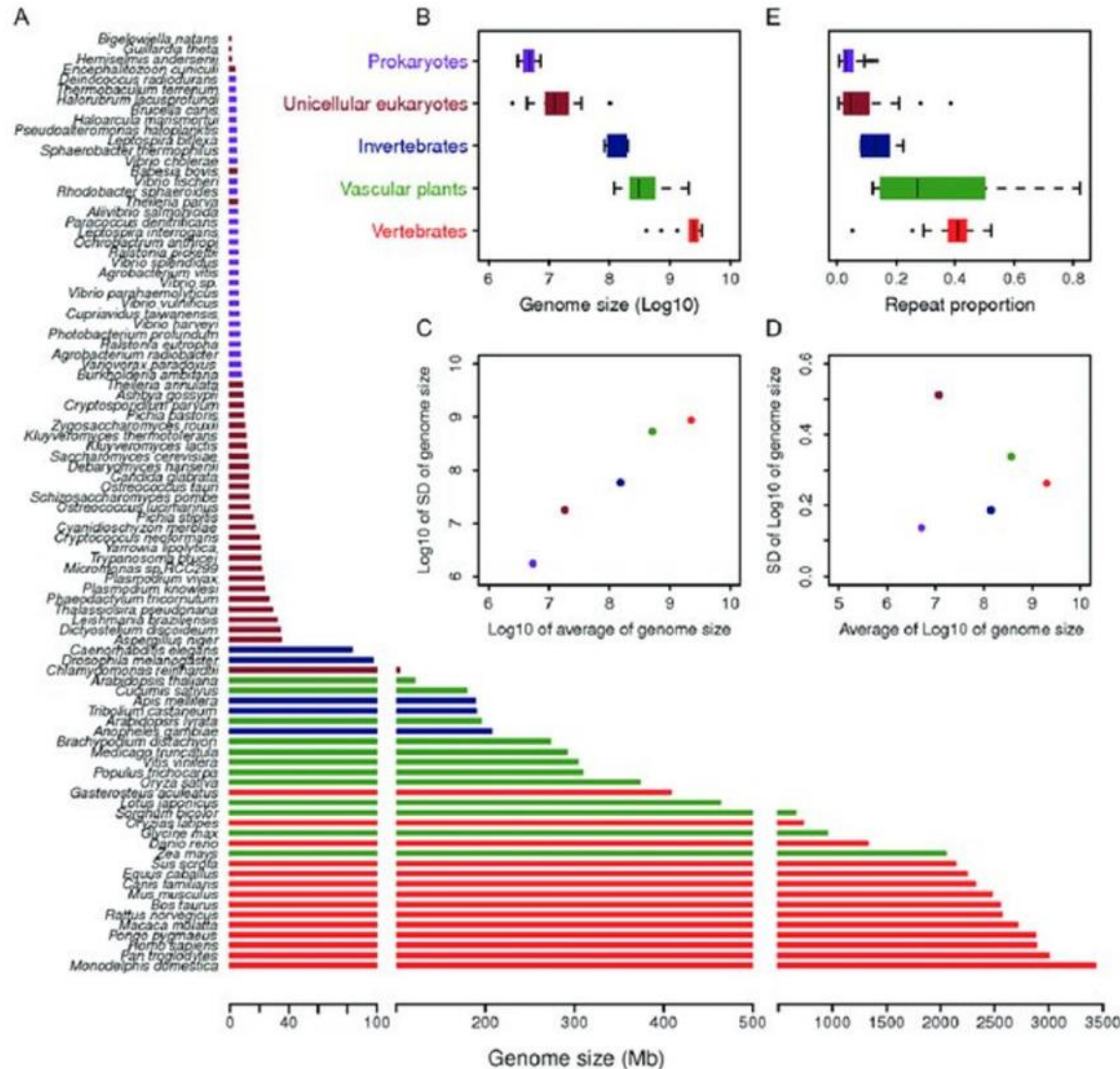
Genom Organel



- Semua genom kloroplas yang diketahui ialah molekul DNA bulat, bersaiz kira-kira 120-160 Kbp. Ia mengandungi dua kawasan ulangan terbalik (IR) antara 6 hingga 76 Kbp panjang, setiap satu mengekod salinan pendua tiga gen rRNA: 5S, 16S dan 23S rRNA.



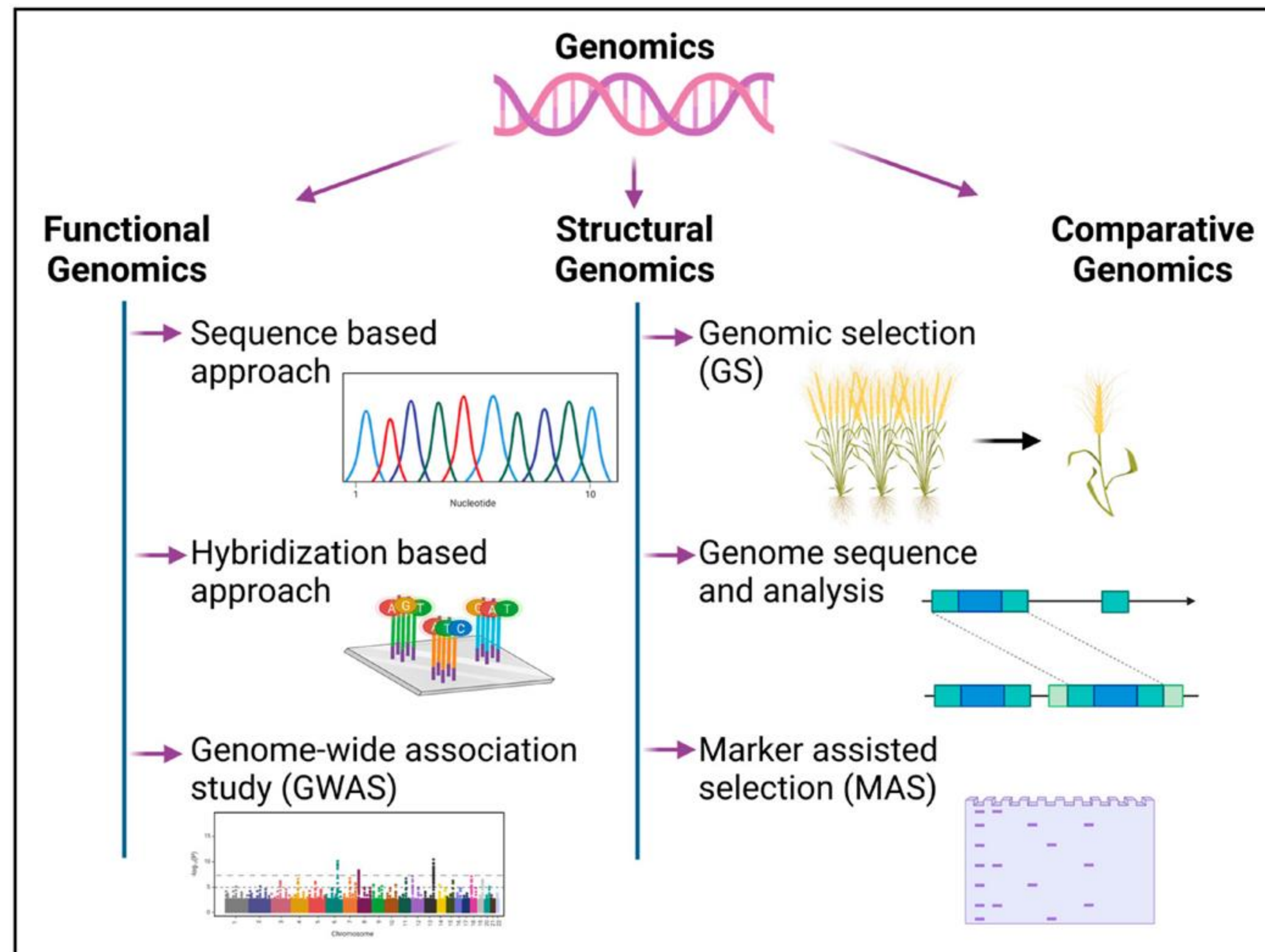
Perbandingan Saiz Genom



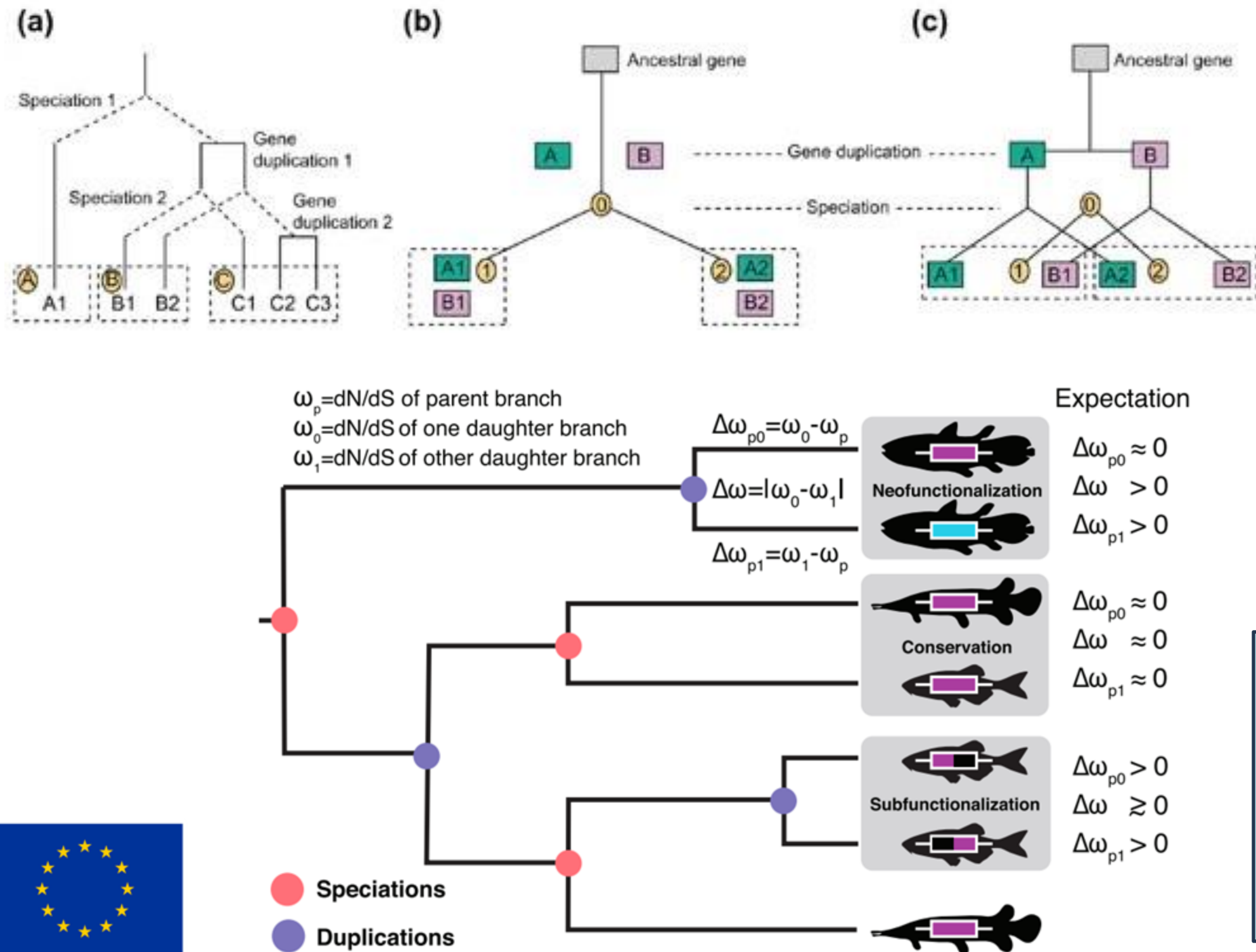
Data pemasangan genom daripada spesies marin dan daratan antara 1996 dan 2015 menunjukkan bahawa bilangan genom rujukan untuk spesies marin adalah jauh lebih rendah daripada spesies daratan.

Jenis Genomik

- **Genomik Struktur** → Penunjukan dan anotasi genom lengkap yang bertujuan untuk mengenal pasti struktur asas gen dan unsur genetik.
- **Genomik Berfungsi** → penunjukan genom lengkap dan anotasi yang bertujuan untuk menentukan fungsi gen dan jujukan bukan genik; menerangkan fungsi gen dan protein, interaksi gen-protein, dan hubungan antara genotip dan fenotip.
- **Genomik Perbandingan** → Penunjukan genom lengkap dan anotasi yang bertujuan untuk membandingkan jujukan genom merentas spesies yang berbeza untuk mengkaji hubungan evolusi.



Pendekatan Genomik dalam Biodiversiti



Genom organisma selalunya mengandungi berbilang salinan gen dengan jujukan yang serupa disebabkan oleh asal evolusi yang dikongsi, yang dikenali sebagai **gen homolog**.

• **Gen ortolog:** Gen homolog yang timbul daripada peristiwa spesiasi antara spesies yang berbeza.

• **Gen paralogus:** Gen homolog yang terhasil daripada pertindihan gen dalam genom yang sama.

• Spekulasi Ortolog

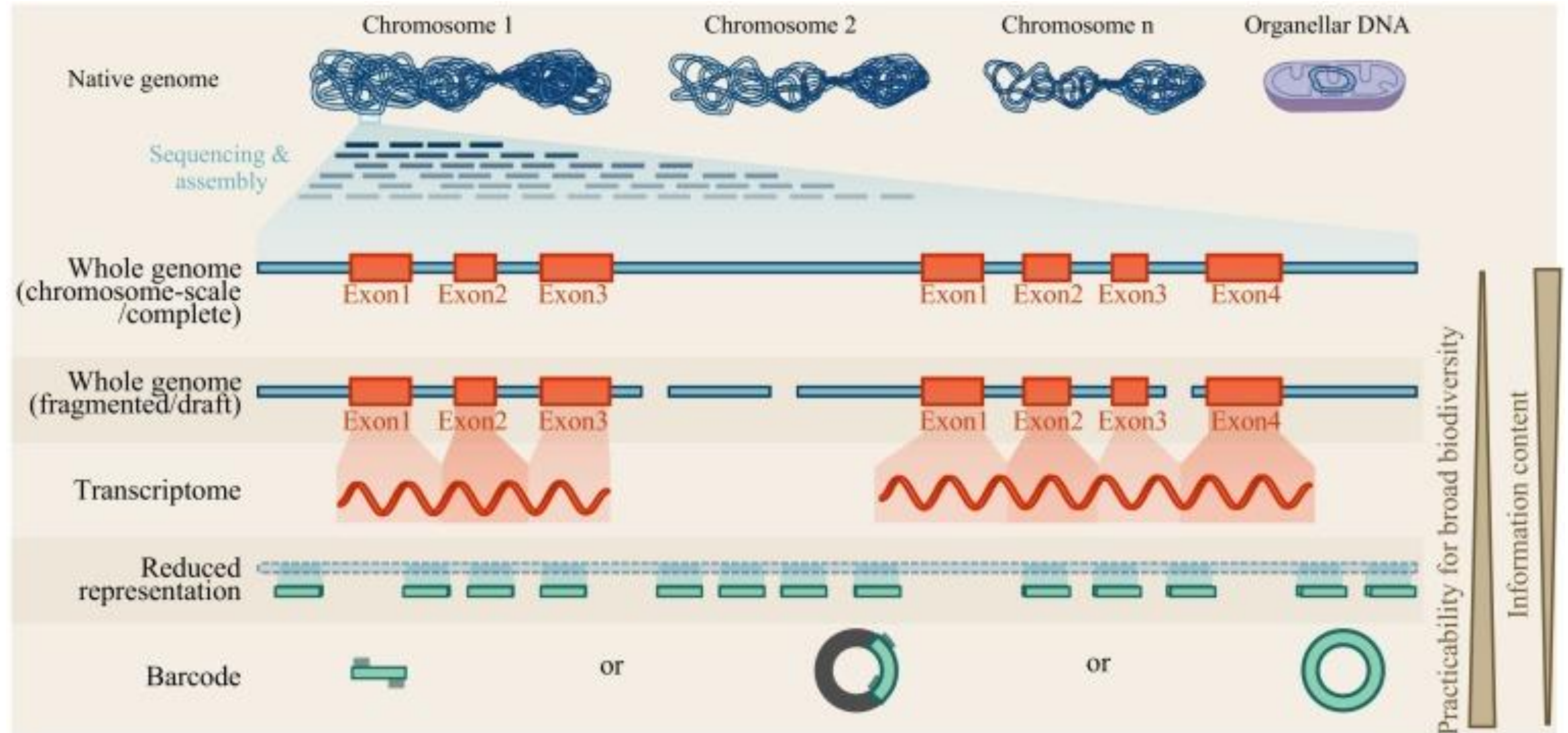
Perbezaan dalam tekanan terpilih secara amnya jauh lebih kecil antara ortolog berbanding antara paralog.

- Ortolog lebih cenderung mengekalkan fungsi asalnya, manakala paralog lebih terdedah kepada perbezaan fungsi (neofungsionisasi).
- Perbezaan evolusi antara paralog selalunya **tidak simetri**, di mana satu salinan mungkin mengalami pemilihan santai atau anjakan fungsi.

Anotasi genomik berfungsi→ Mengambil kira asal usul evolusi gen sebelum memberikan fungsinya.

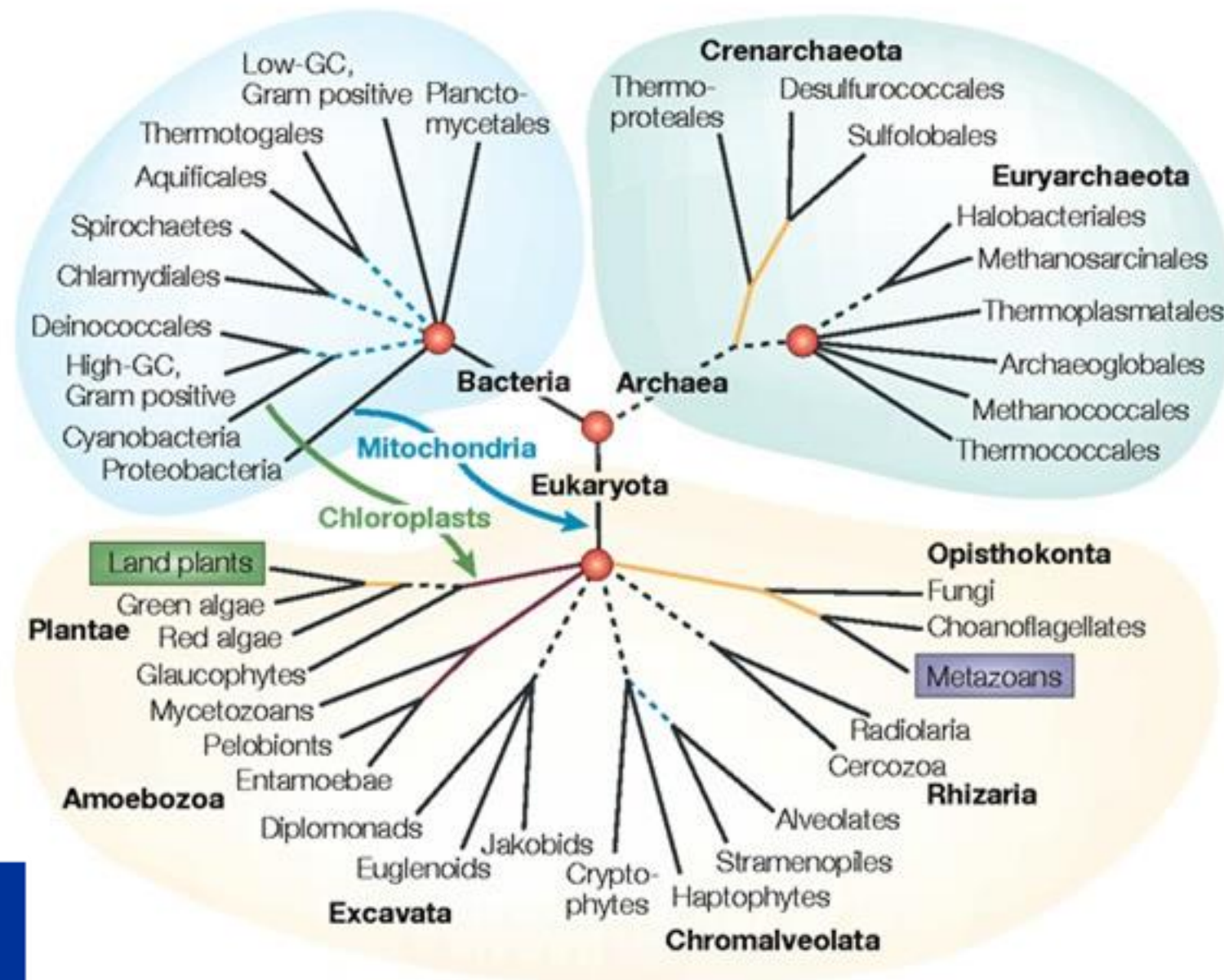
Penjujukan genom keseluruhan→ Membolehkan pengenalanpastian semua ahli keluarga gen, termasuk paralog, yang mungkin sangat serupa antara satu sama lain.

Pendekatan Genomik dalam Biodiversiti

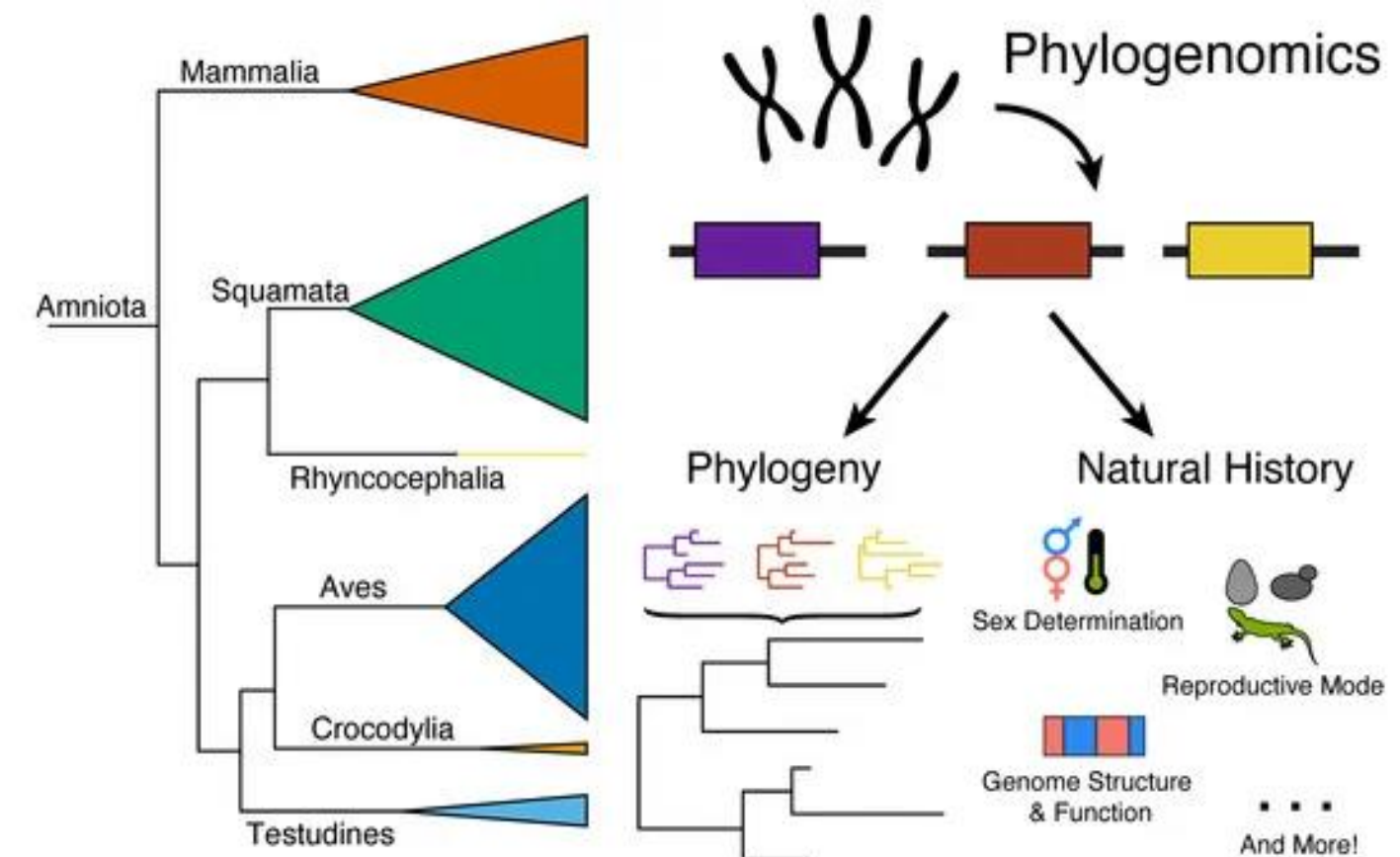


Pendekatan Genomik dalam Biodiversiti

- Genomik berfungsi sebagai asas untuk membina semula pokok filogenetik yang mencerminkan hubungan evolusi — proses yang dikenali sebagai filogenomik.

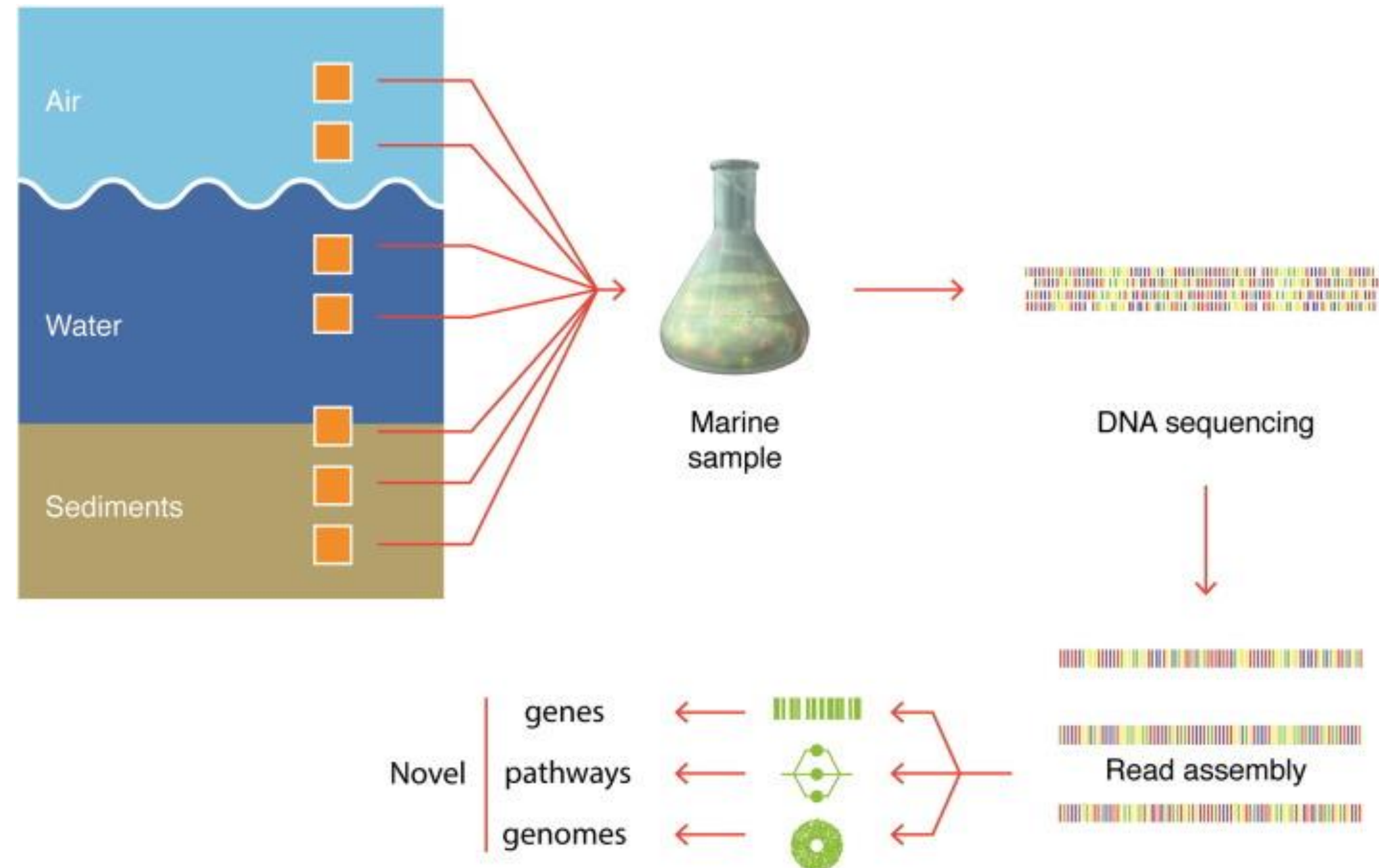


Aspek	Filogenetik	Filogenomik
Skop data	Gen tertentu	Keseluruhan genom (set penuh gen)
Resolusi	Terhad oleh resolusi penanda biologi	Cerapan resolusi tinggi
Kaedah	Analisis jujukan beberapa penanda biologi	Analisis genom keseluruhan, termasuk RAD-seq dan UCE
Cabaran	Dihadkan oleh resolusi penanda	Memerlukan pengkomputeran berprestasi tinggi dan data berkualiti tinggi



Metagenomik

- **Metagenomik** (juga dikenali sebagai genomik alam sekitar) ialah pendekatan yang digunakan untuk menganalisis gabungan DNA atau RNA daripada sampel persekitaran yang mengandungi organisma yang belum diasingkan atau dikenal pasti.
- Sama seperti jumlah kandungan genetik organisma dirujuk sebagai **Genomnya**, jumlah kandungan genetik semua organisma yang mendiami persekitaran tertentu dikenali sebagai **metagenom**.
- Analisis metagenomik boleh dilakukan melalui penjujukan DNA untuk meneroka corak ekspresi gen dalam komuniti organisma dalam persekitaran tertentu.
- **Metagenomik marin** ialah pendekatan yang menjanjikan untuk pembangunan industri bioteknologi (cth, penemuan enzim daripada komuniti mikrob marin). Meliputi lebih daripada 70% permukaan Bumi, lautan merupakan takungan biodiversiti mikrob yang besar. Mikroorganisma marin memainkan peranan penting dalam rantai makanan marin dan dalam kitaran karbon dan tenaga global.

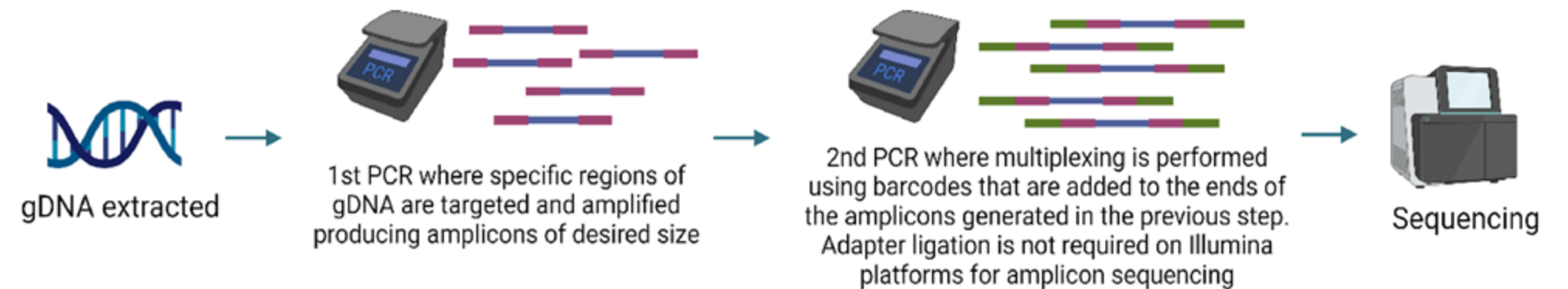


Metagenomik

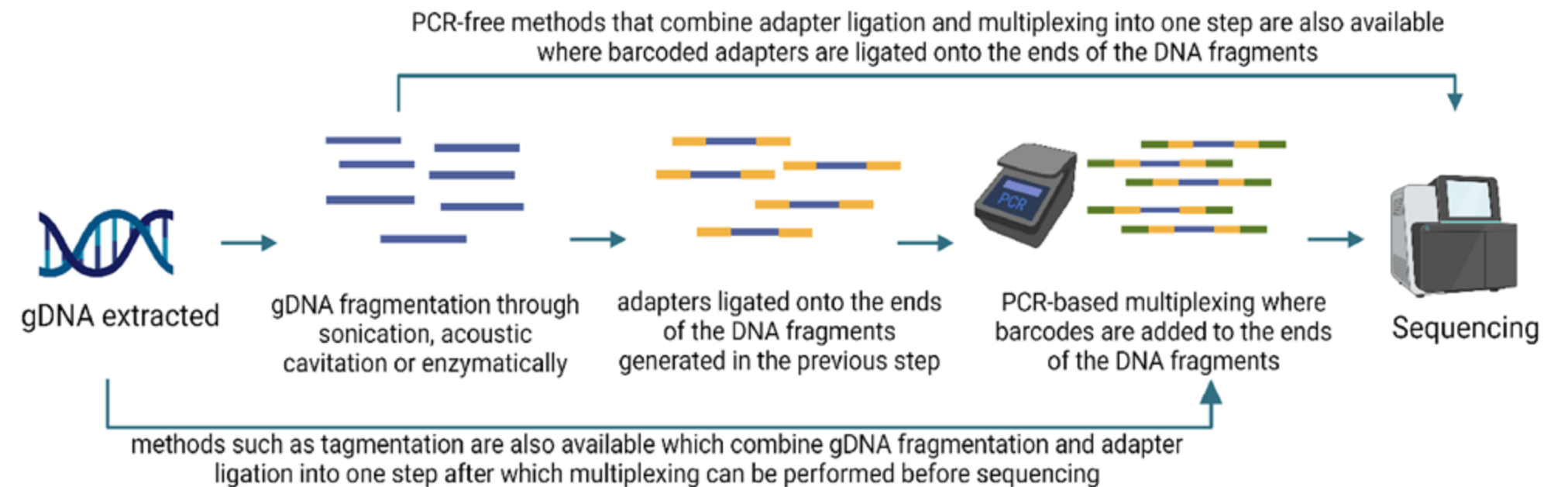
Metagenomic Approaches:

- 1. Penunjukan Amplicon** → Bergantung pada penunjukan gen penanda filogenetik berikutan penguatan PCR.
 - Memberi tumpuan kepada gen penanda tunggal (cth, 16S rRNA untuk bakteria, ITS untuk kulat).
 - Menggunakan PCR untuk menguatkan gen penanda, yang kemudiannya diujukan.
- 2. Penunjukan Metagenomik Senapang Patah** → Melibatkan penunjukan semua DNA daripada organisma dalam sampel, dan bukannya menyasarkan gen penanda tertentu.
 - Tidak memberi tumpuan kepada satu gen, tetapi menganalisis keseluruhan kandungan DNA sampel.
 - Membolehkan analisis komprehensif komposisi taksonomi, fungsi genetik, dan metabolikpathways.

Amplicon sequencing



Shotgun sequencing

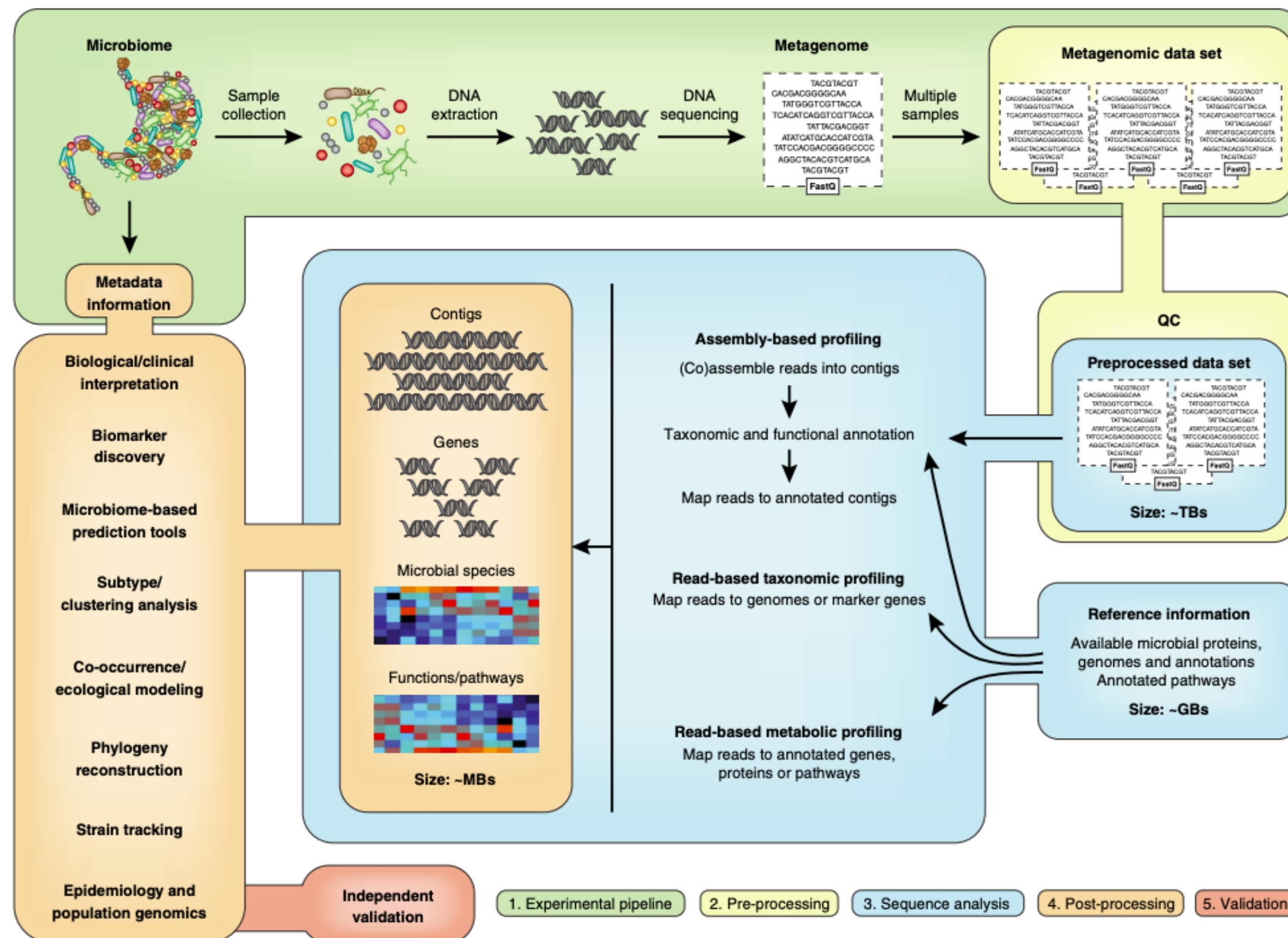


Metagenomik

Metagenomik senapang patah ialah kaedah tidak disasarkan yang digunakan untuk mengenal pasti komposisi taksonomi, fungsi genetik, dan untuk membina semula genom organisma secara langsung—termasuk mikroorganisma yang tidak boleh dikultur.

Aliran Kerja Metagenomik Senapang Patah:

1. Reka bentuk kajian
2. Pengumpulan sampel dan pengekstrakan DNA
3. Penjujukan dan penyediaan perpustakaan DNA
4. Analisis bioinformatik
5. Selepas pemprosesan dan pengesahan



Pendekatan Metagenomik

Pemprofilan Berasaskan Perhimpunan

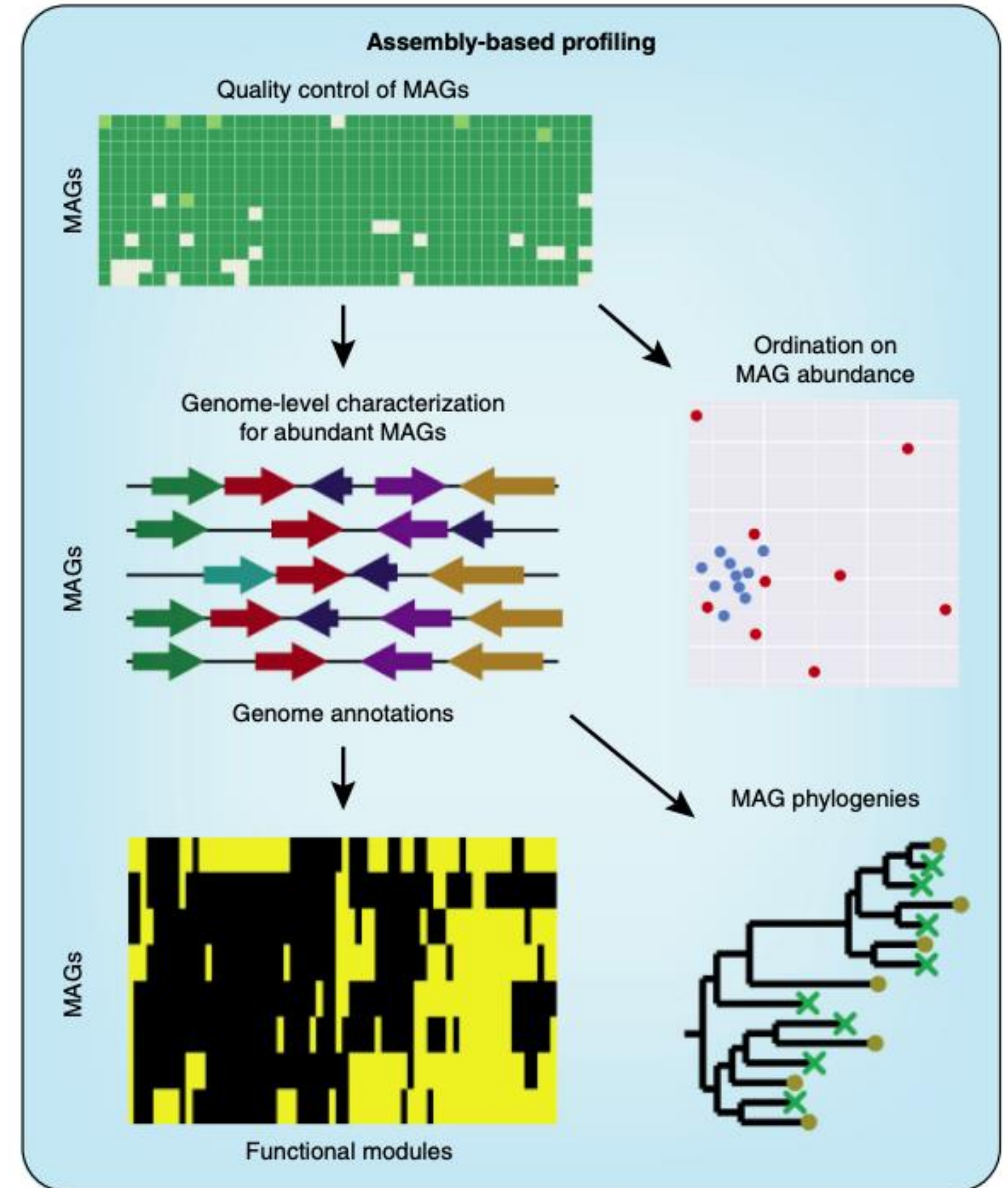
Melibatkan pemasangan bacaan penjujukan ke dalam contigs yang lebih panjang dan menyusunnya ke dalam genom, gen atau laluan metabolik.

Kelebihan:

- Membolehkan pembinaan semula genom lengkap, termasuk mikroorganisma yang tidak boleh dikultur.
- Mendedahkan laluan metabolik baru dan fungsi biologi yang unik.
- Boleh digunakan untuk membina pokok filogenetik dan menjalankan kajian evolusi.

Had:

- Memerlukan liputan yang tinggi dan sejumlah besar data penjujukan.
- Kerumitan meningkat dengan komuniti mikrob yang pelbagai.
- Mungkin gagal dalam komuniti yang sangat kompleks atau dengan data berkualiti rendah.



Pendekatan Metagenomik

Pemprofilan Berasaskan Baca

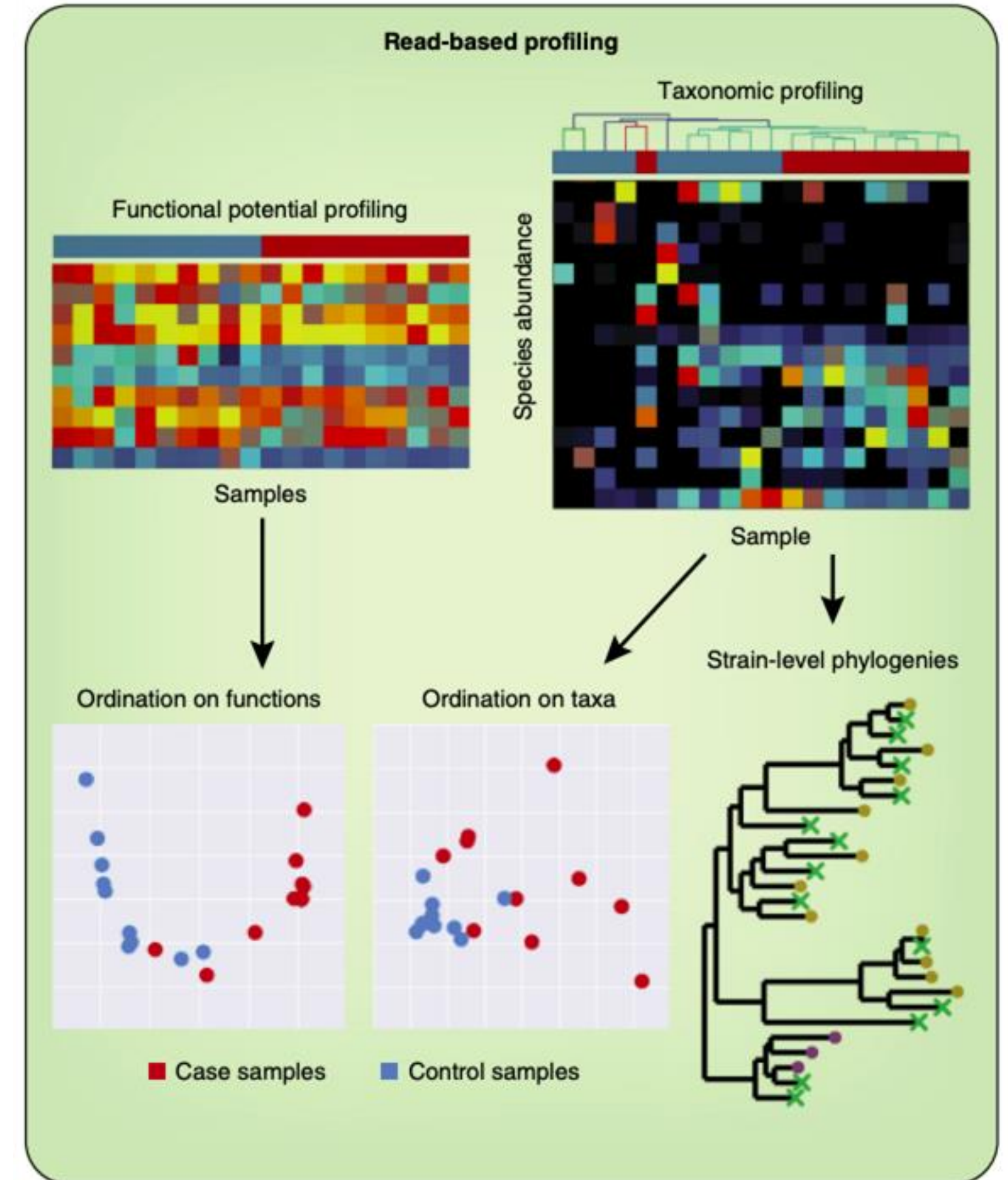
Melibatkan menganalisis bacaan penjujukan mentah secara langsung tanpa memasangnya menjadi contigs yang lebih panjang. Pendekatan ini memetakan bacaan terhadap pangkalan data rujukan.

Kelebihan:

- Lebih pantas dan lebih cekap, sesuai untuk analisis berskala besar atau pemprosesan sampel pemprosesan tinggi.
- Berguna untuk pemeriksaan awal, tinjauan taksonomi atau kajian biodiversiti.

Had:

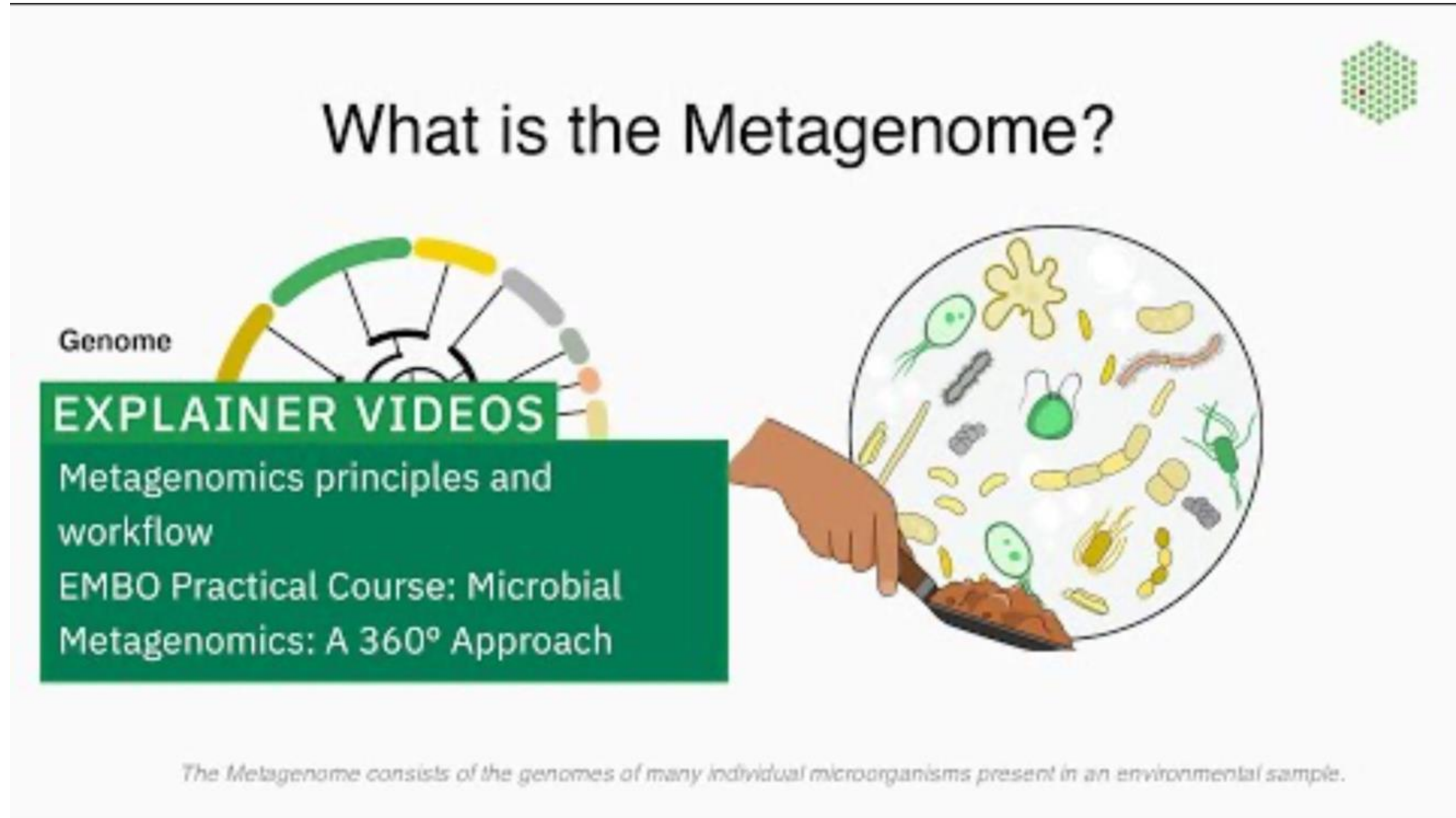
- Sangat bergantung pada pangkalan data rujukan — terhad dalam mengesan organisma dengan genom yang tidak dicirikan.
- Kurang bermaklumat untuk membina semula laluan metabolik lengkap atau genom baru.



Pendekatan Metagenomik

Aspek	Analisis Berasaskan Perhimpunan	Analisis Berasaskan Baca (Pemetaan)
Kelengkapan	Boleh membina semula berbilang genom lengkap, tetapi hanya untuk organisma dengan liputan penjujukan yang mencukupi untuk pemasangan dan binning.	Menyediakan cerapan agregat ke dalam struktur atau fungsi komuniti, tetapi hanya berdasarkan pecahan bacaan yang dipetakan ke pangkalan data rujukan.
Kerumitan Komuniti	Dalam komuniti yang kompleks, hanya genom separa boleh dipulihkan melalui pemasangan.	Boleh mengendalikan komuniti dengan kerumitan yang berbeza-beza, terutamanya apabila kedalaman penjujukan dan liputan rujukan mencukupi.
Kebaharuan	Boleh membina semula genom organisma baru sepenuhnya tanpa saudara terdekat yang diketahui.	Tidak dapat mengenal pasti organisma yang genomnya tidak mempunyai saudara terdekat dalam pangkalan data rujukan.
Beban Pengiraan	Memerlukan pengiraan intensif, termasuk pemasangan, pemetaan dan binning.	Lebih cekap dan berskala, sesuai untuk meta-analisis berskala besar.
Metabolisme berasaskan genom	Boleh mengaitkan potensi metabolik kepada filogeni melalui genom yang dibina semula sepenuhnya, walaupun untuk kepelbagaian baru.	Biasanya menyelesaikan hanya fungsi metabolik agregat komuniti; Pautan kepada filogeni adalah terhad kepada organisma dengan genom rujukan yang tersedia.
Penyusunan Manual Pakar	Memerlukan penyusunan manual untuk binning, perancah, dan pengesanan ralat semasa pemasangan.	Secara amnya tidak memerlukan penyusunan manual, walaupun pemilihan genom rujukan mungkin memerlukan pengawasan manusia.
Penyepaduan dengan Genomik Mikrob	Genom yang dipasang boleh disepadukan ke dalam saluran paip genomik mikrob yang direka untuk analisis genom berasaskan pengasingan.	Profil tidak boleh dikaitkan secara langsung dengan genom pengasingan kultur tulen.

Pendekatan Metagenomik



What is the Metagenome?

Genome

EXPLAINER VIDEOS

- Metagenomics principles and workflow
- EMBO Practical Course: Microbial Metagenomics: A 360° Approach

The Metagenome consists of the genomes of many individual microorganisms present in an environmental sample.

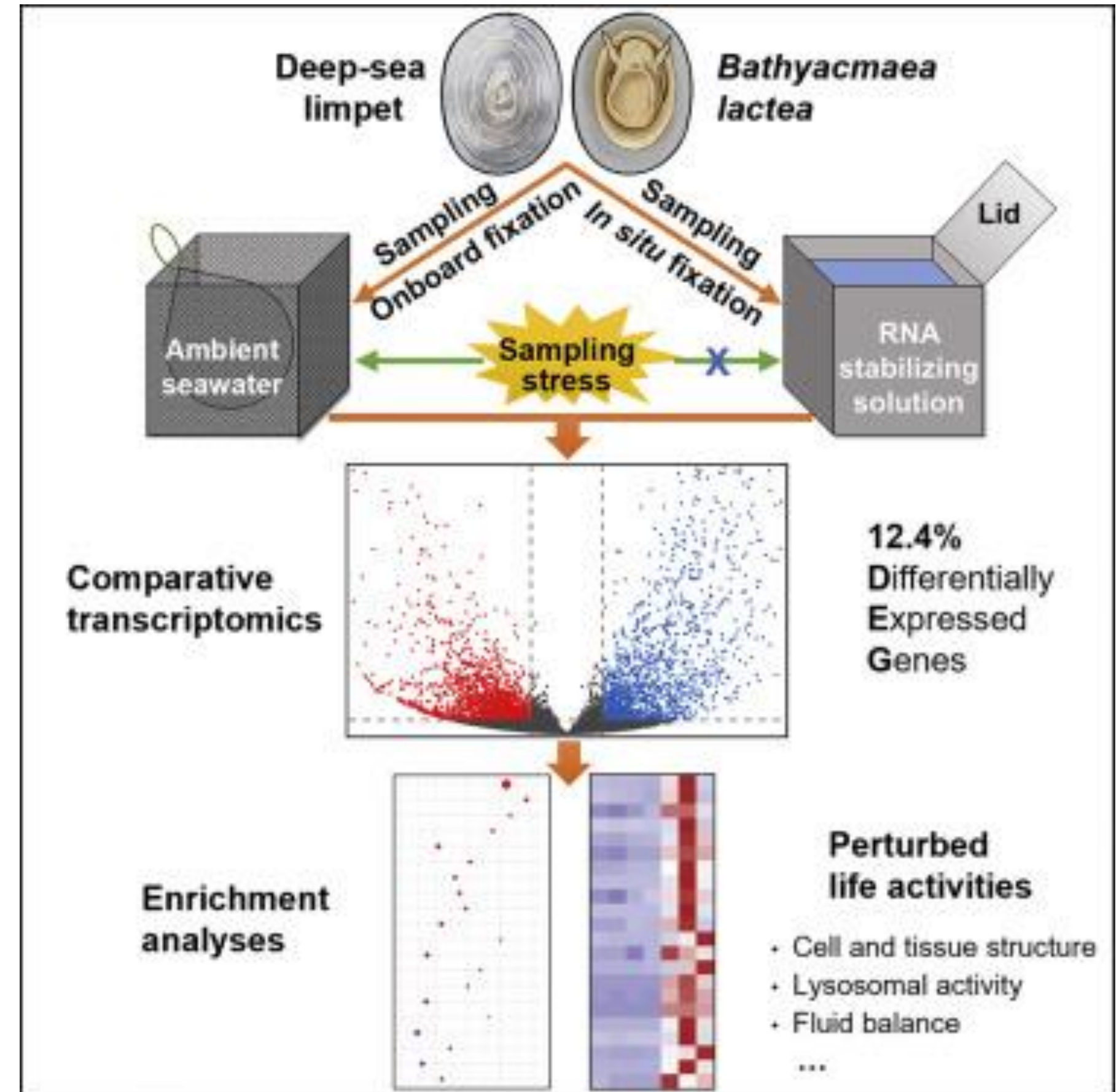
The image is a thumbnail for an explainer video. It features a hand holding a spoon that is scooping a mixture of various colorful microorganisms (bacteria, fungi, etc.) from a petri dish. To the left of the petri dish is a circular diagram with segments of different colors (green, yellow, grey, orange) representing a genome. The text 'What is the Metagenome?' is at the top. Below it, the word 'Genome' is next to the circular diagram. A green box contains the text 'EXPLAINER VIDEOS' and a list of topics: 'Metagenomics principles and workflow' and 'EMBO Practical Course: Microbial Metagenomics: A 360° Approach'. At the bottom, a line of text states: 'The Metagenome consists of the genomes of many individual microorganisms present in an environmental sample.'

Transkriptomik

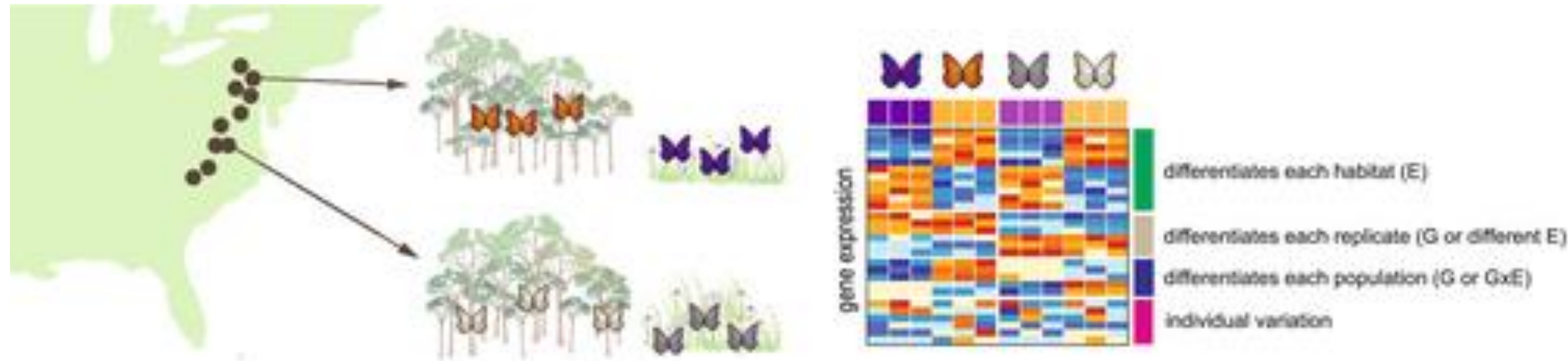
Transkriptomik ialah pendekatan yang digunakan untuk mengkaji **transkriptom**, yang merujuk kepada set lengkap molekul RNA yang disintesis oleh sel atau tisu dalam keadaan tertentu.

RNA mencerminkan gen yang dinyatakan secara aktif, memberikan pandangan tentang aktiviti gen pada masa tertentu dan dalam keadaan tertentu.

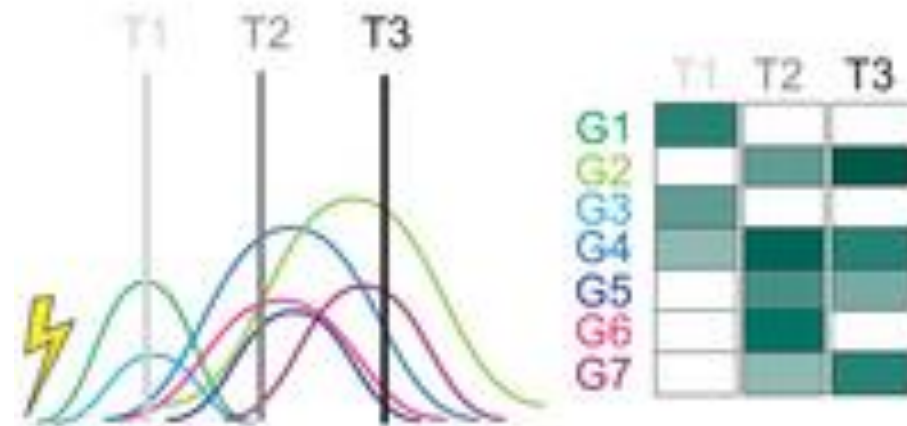
Transkriptomik boleh digunakan untuk menyiasat tindak balas tekanan dalam organisma marin (cth, semasa proses pensampelan dari laut dalam ke permukaan). Satu kajian ke atas spesies *Bathycyma lactea* menunjukkan bahawa pengumpulan sampel tanpa **penetapan in situ** boleh membawa kepada kecenderungan yang ketara dalam ekspresi gen.



Transkriptomik Landskap



(a) Temporal scales of gene expression



(b) Tissue specific responses



Transkriptomik landskap ialah pendekatan baru muncul yang menyepadukan:

1. **Data ekspresi gen** (transkriptomik)
2. **Data alam sekitar berskala besar** (landskap ekologi)

Matlamat transkriptomik landskap adalah untuk memahami cara organisma bertindak balas terhadap perubahan persekitaran—seperti anjakan iklim, pencemaran, pemecahan habitat dan tekanan lain.

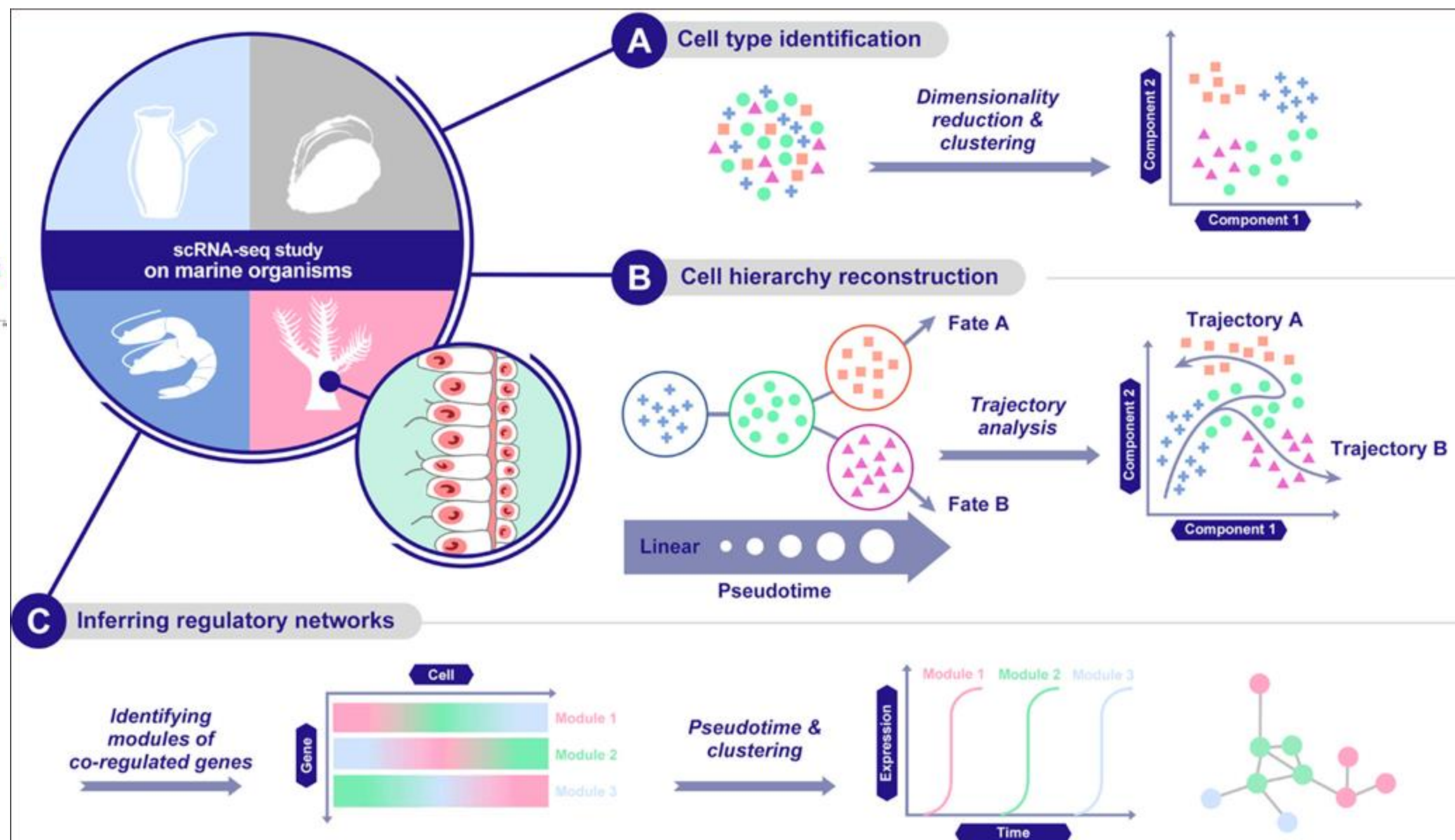
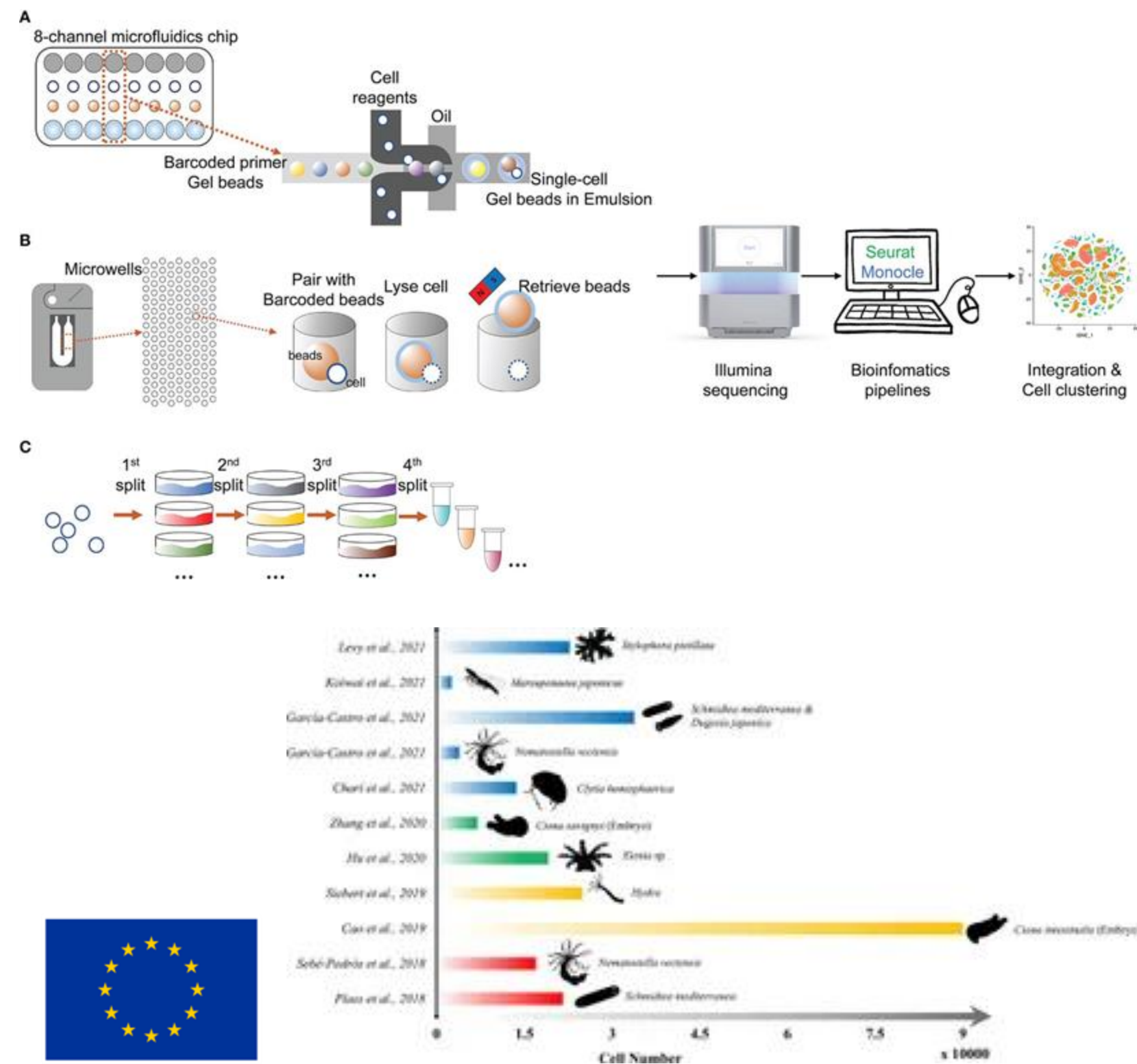
Contoh:

- **Salmon:** Transkriptom digunakan untuk mengesan tindak balas terhadap suhu, kemasinan atau penyakit.
- **Terumbu karang:** Ekspresi gen asas dianalisis untuk mengenal pasti gen yang dikaitkan dengan toleransi haba.

Cabaran dalam Transkriptomik Landskap

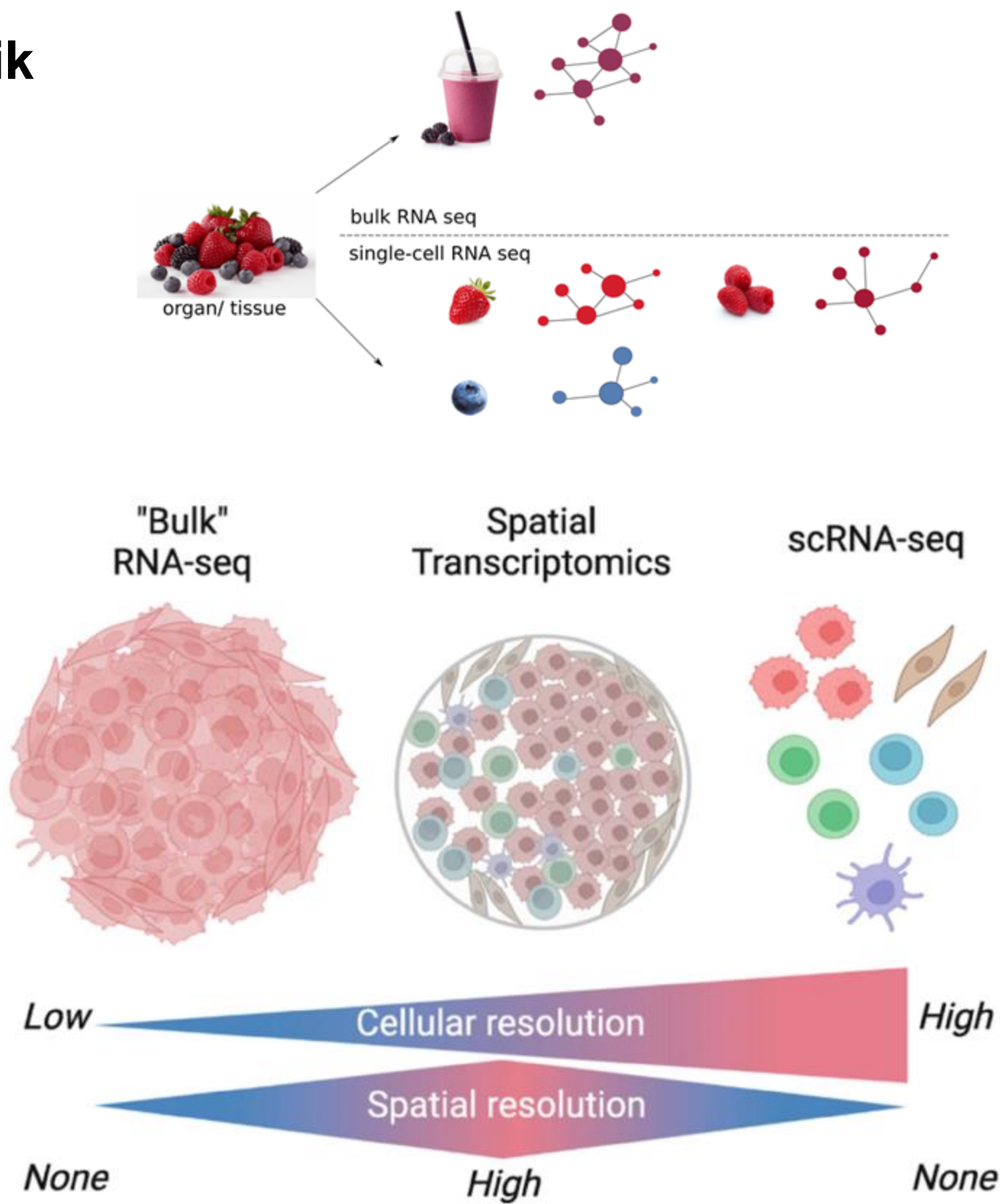
- **Kekhususan temporal:** Ekspresi gen boleh berubah dengan cepat; masa pensampelan yang tepat adalah kritikal.
- **Kekhususan tisu:** Tisu yang berbeza menyatakan set gen yang berbeza, memerlukan pemilihan dan tafsiran sampel yang teliti.

Transkriptomik Sel Tunggal



Penjujukan RNA sel tunggal (scRNA-seq) ialah teknik yang membolehkan analisis ekspresi gen pada tahap sel individu, memberikan cerapan yang lebih terperinci berbanding RNA-seq konvensional, yang hanya menangkap ekspresi purata merentas keseluruhan populasi sel.

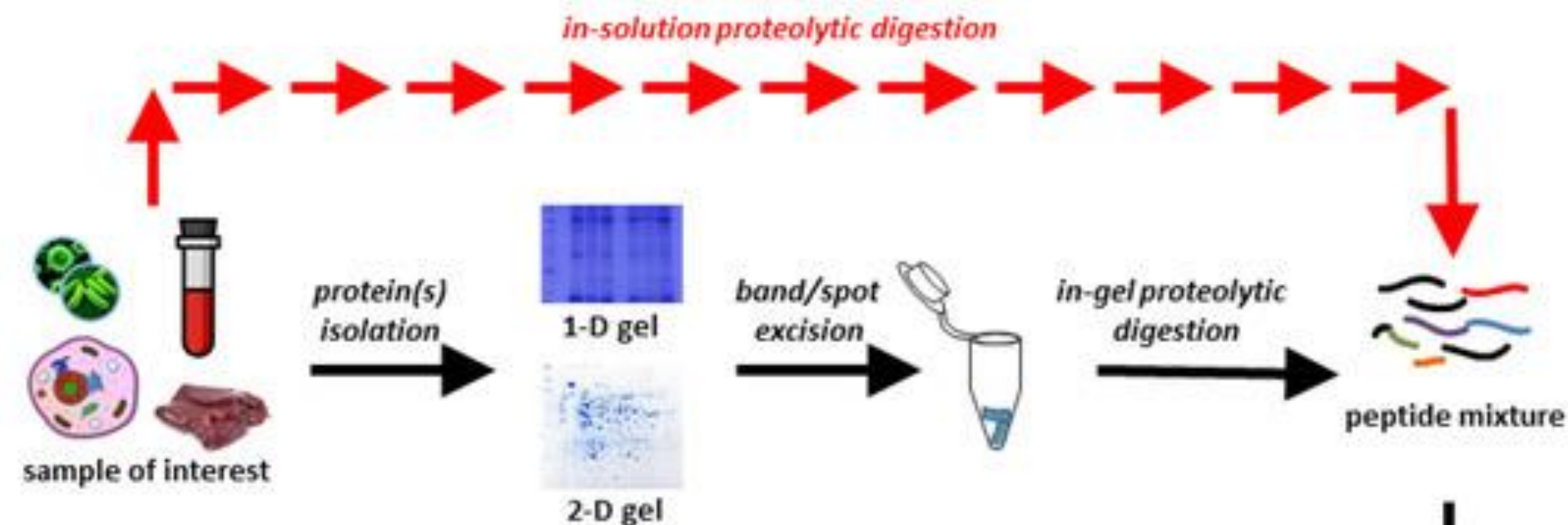
Transkriptomik Sel Tunggal



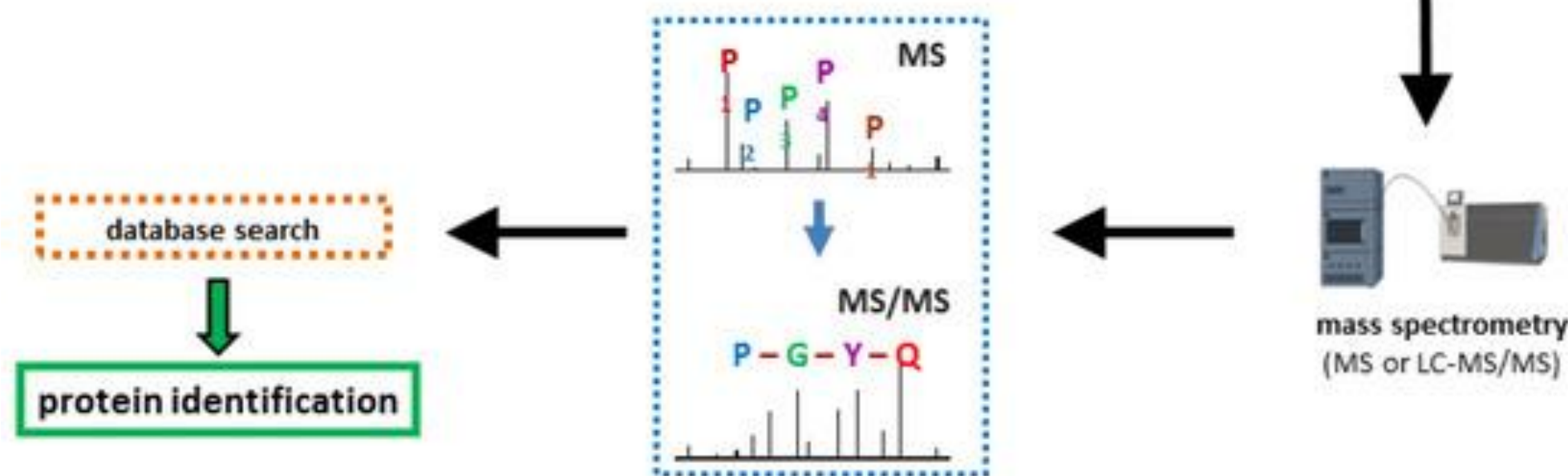
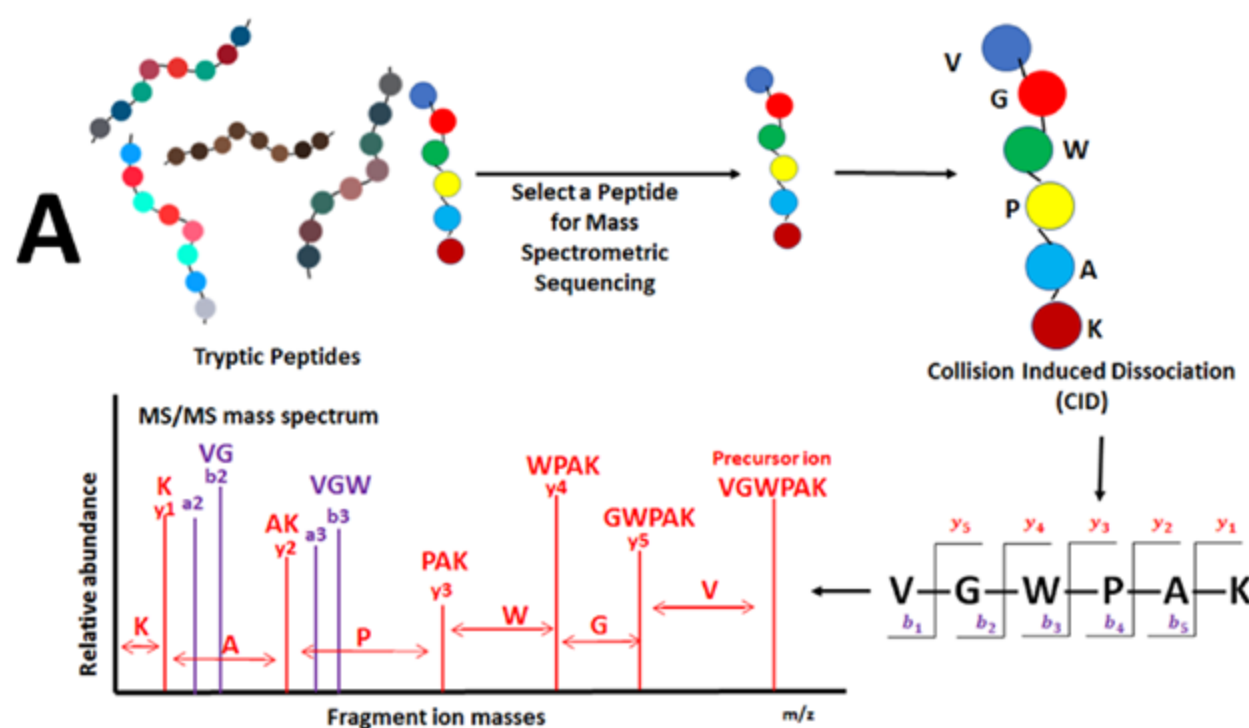
Pendekatan	Advantages	Disadvantages	Applications
Sebahagian Besar	Memberikan pandangan keseluruhan ekspresi gen dalam populasi sel. - Pemprosesan tinggi. - Kos cekap dan sesuai untuk analisis sampel berskala besar.	- Hanya menyediakan profil ekspresi gen purata, sekali gus gagal menangkap kepelbagaian sel tunggal. - Tidak memberikan maklumat spatial tisu.	- Pemprofilan transkriptom. - Diagnosis dan prognosis tumor. - Penemuan biomarker, pengenalpastian gen berfungsi, dan kajian ke atas kohort sampel yang besar.
Sel tunggal	- Membolehkan analisis ekspresi gen pada peringkat sel tunggal. - Membolehkan analisis kepelbagaian tumor. - Pengenalpastian jenis sel unik dan populasi sel yang jarang ditemui.	- Kos yang lebih tinggi. - Kepekaan terhad dan bergantung kepada teknik lanjutan. - Tidak memberikan maklumat tisu spatial.	- Analisis kepelbagaian tumor dan tisu. - Pengenalpastian jenis sel dan peralihan evolusi. - Memahami tindak balas imun dan ciri-ciri persekitaran mikro tumor.
Spatial	- Menyediakan maklumat transkriptomik yang disetempatan secara ruang. - Teknologi transkriptomik spatial 10X menawarkan resolusi selular yang lebih tinggi. - Keupayaan pengesanan gen yang tinggi dengan pemultipleksan tinggi.	- Kerumitan kos dan aliran kerja yang tinggi. - Teknologi yang agak baru masih dalam pembangunan.	- Analisis transkriptomik spatial. - Teknologi baru muncul untuk mikrodiseksi tumor. - Penemuan biomarker spatial. - Pengoptimuman imunoterapi.

Proteomik

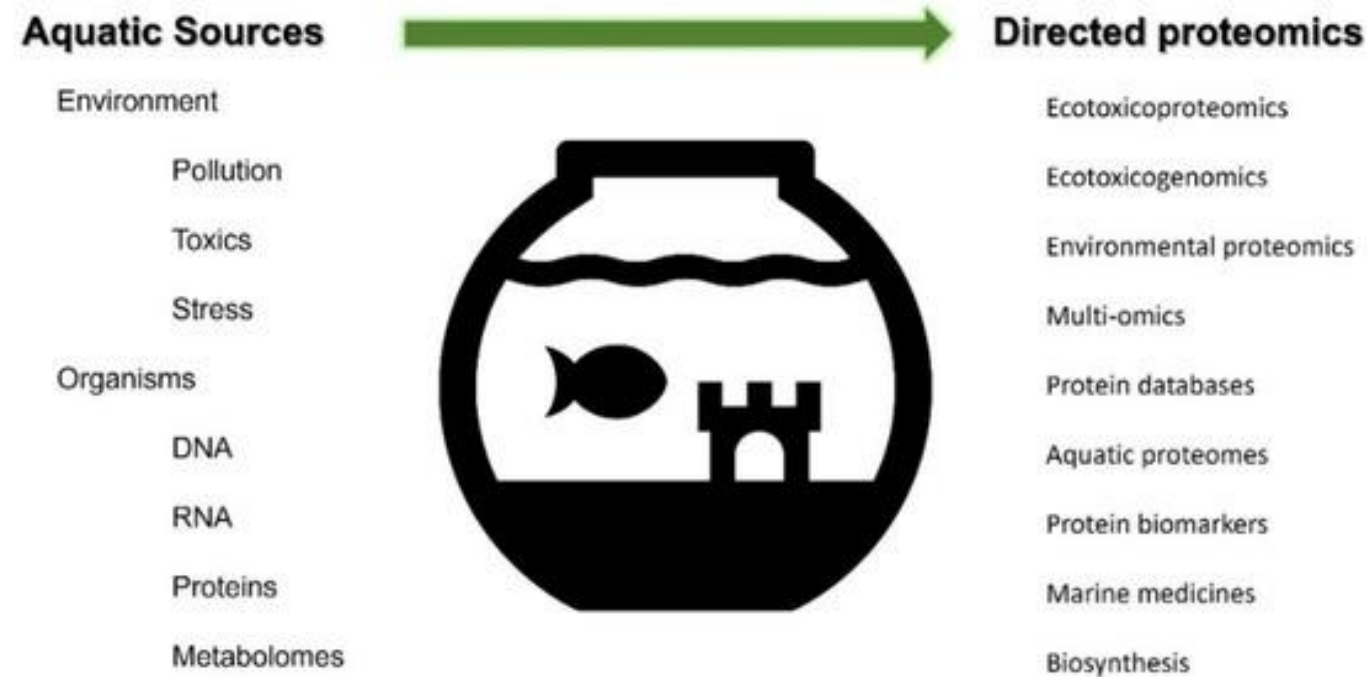
- Proteomik** ialah kajian semua protein (proteom) dalam organisma, termasuk variasinya disebabkan oleh pengubahsuaian pasca translasi (PTM), interaksi protein-protein dan tahap ekspresi.
Proteomik bawah ke atas ialah pendekatan utama yang paling banyak digunakan, di mana protein dicerna menjadi peptida kecil dan kemudian dianalisis menggunakan kromatografi cecair dan spektrometri jisim untuk pengenalpastian dan kuantifikasi protein.



MS/MS Fragmentation of Peptides

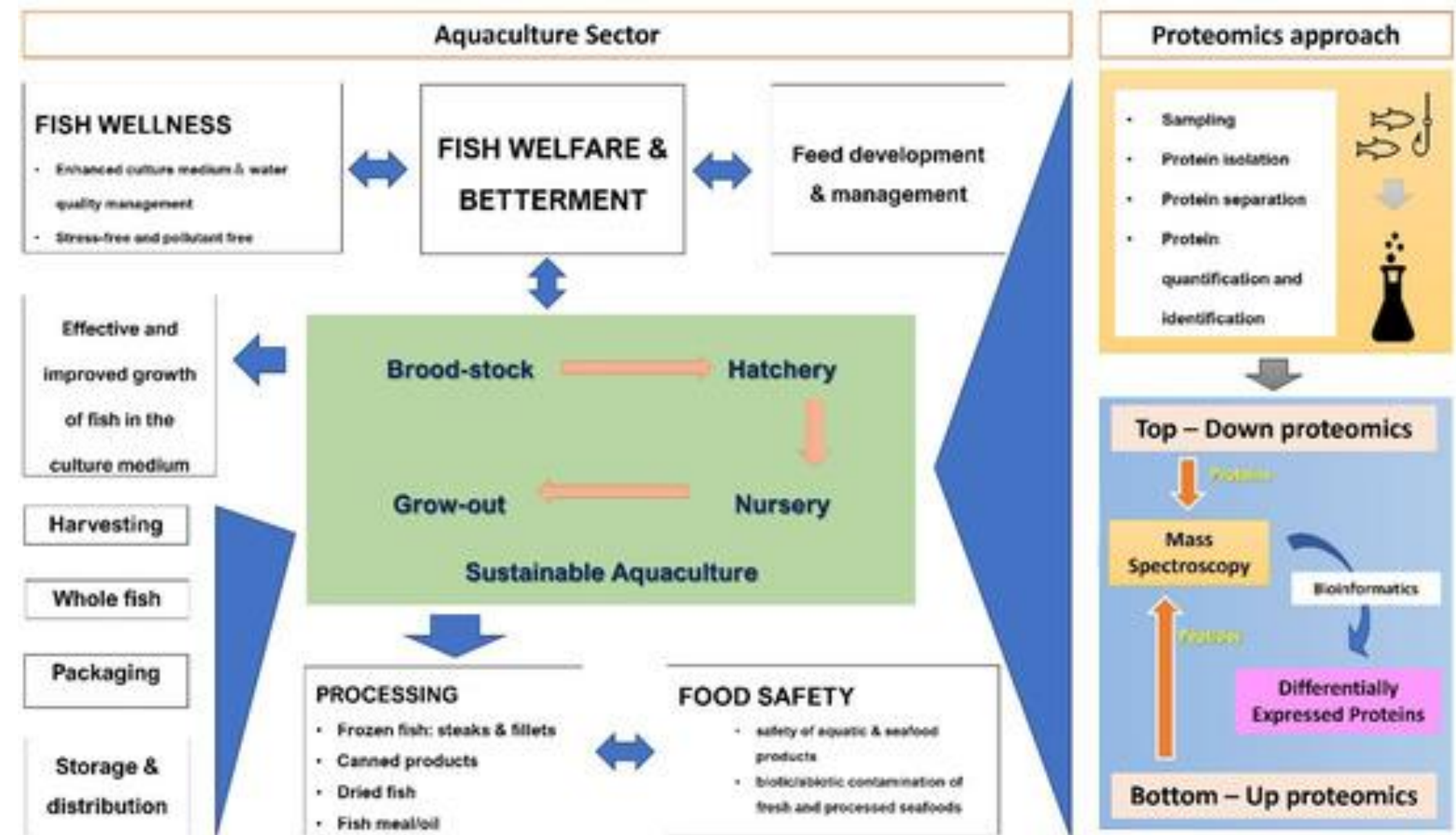


Proteomik dalam Kajian Biodiversiti



Terdapat tiga bidang utama penyelidikan proteomik dalam konteks biodiversiti:

- **Akuakultur dan perikanan:** Menilai pertumbuhan ikan, tekanan dan kesihatan; membangunkan makanan ikan yang cekap dan mesra alam; memastikan keselamatan makanan; dan banyak lagi.
- **Pemantauan pencemaran alam sekitar** dan kesannya terhadap biodiversiti.
- **Pengenalpastian produk semula jadi marin dan farmaseutikal** (sebatian semula jadi).

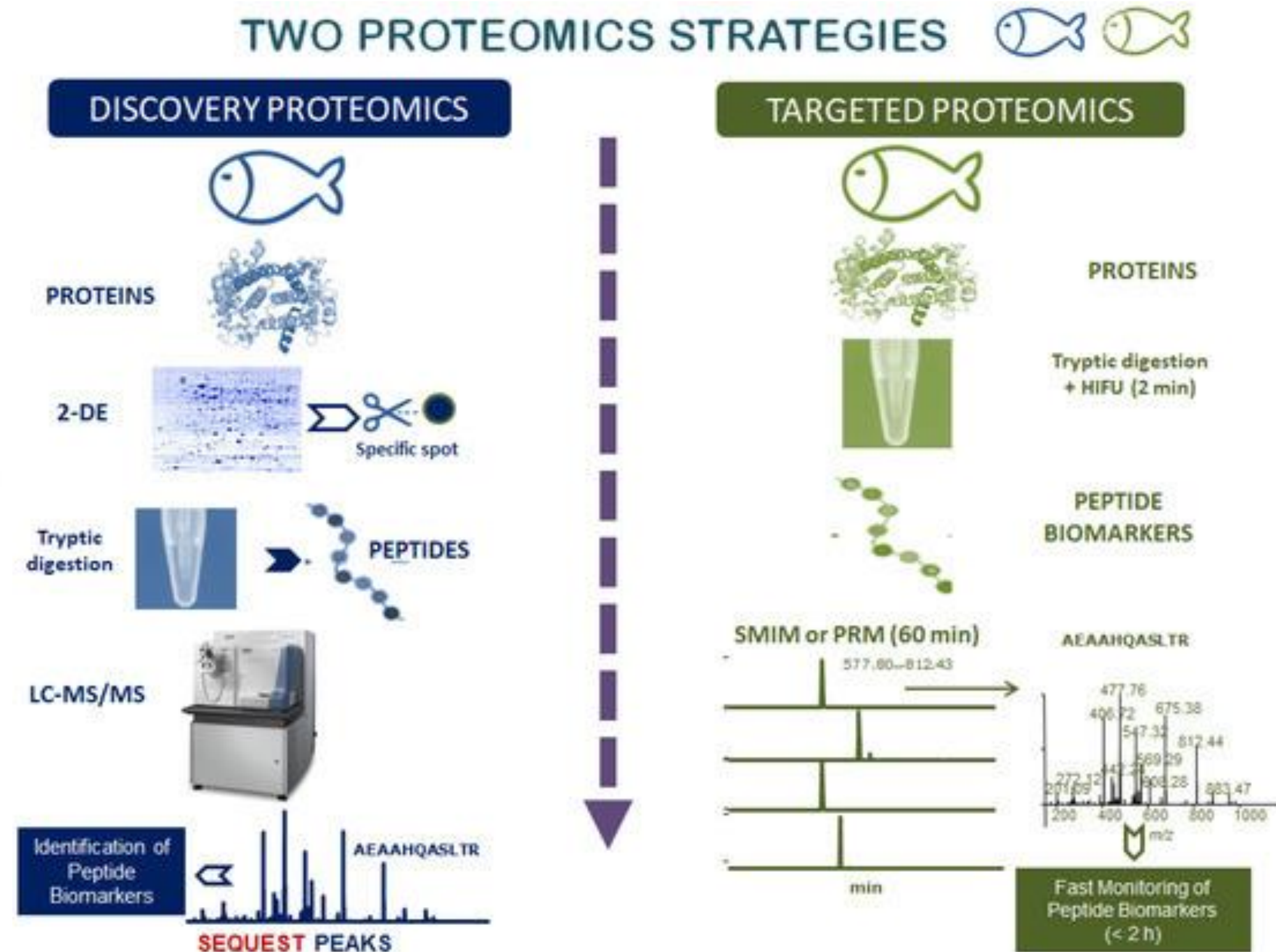
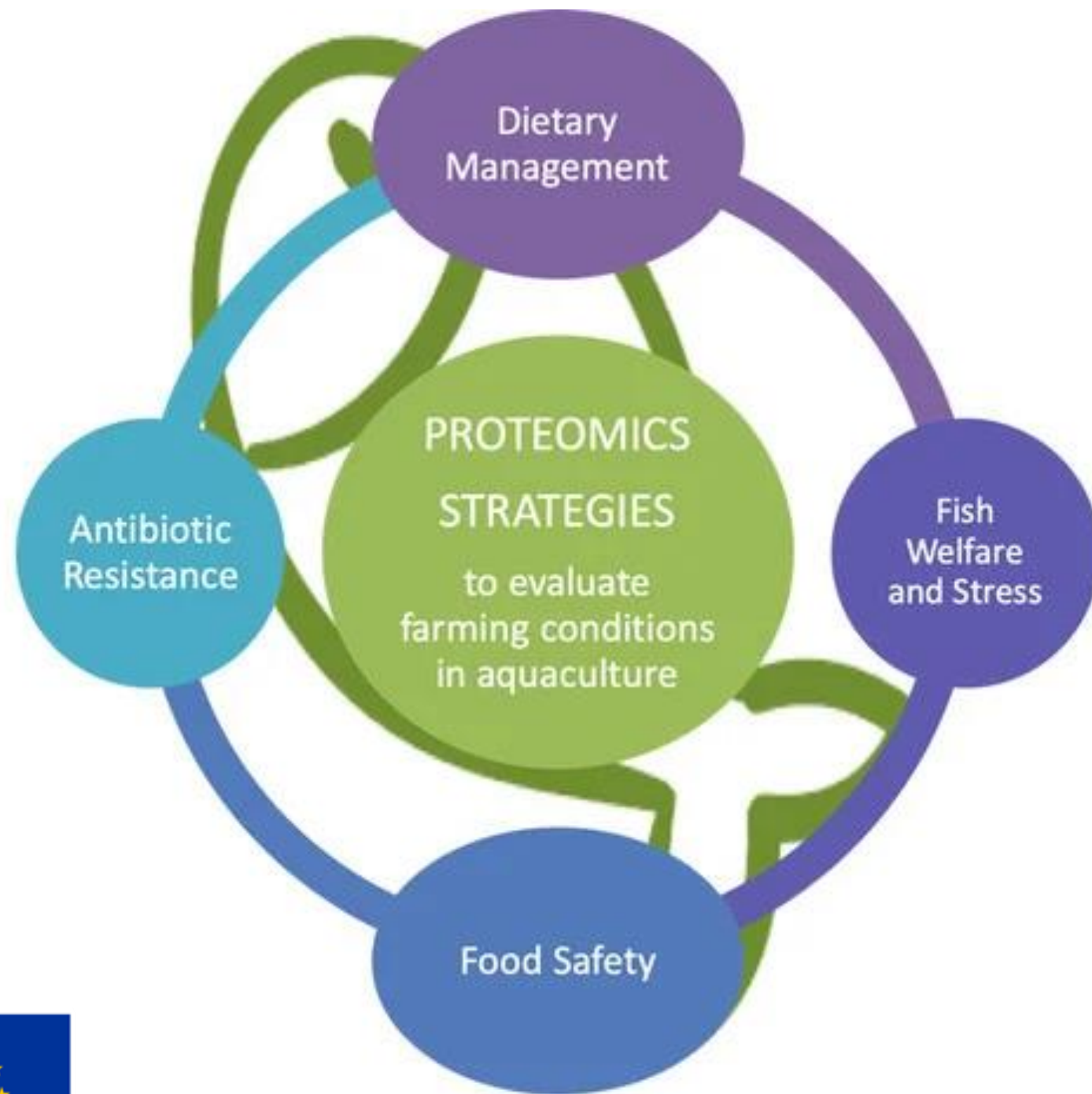


Beberapa teknik proteomik yang boleh digunakan:

- Elektroforesis 2D-Gel
- LC-MS/MS
- Kuantifikasi berasaskan label (iTRAQ, TMT) dan bebas label
- MALDI-TOF MS

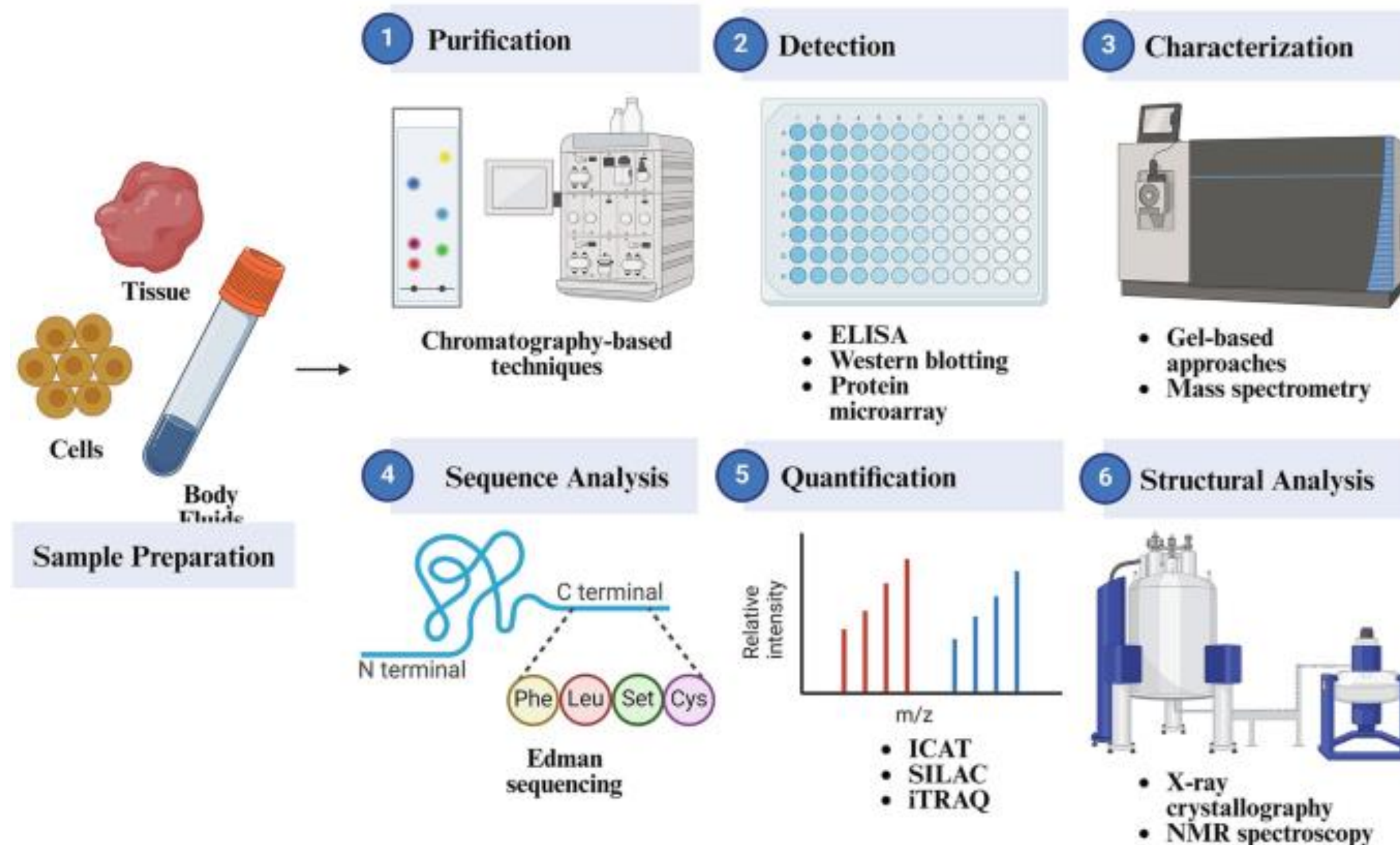
Cabaran utama: kekurangan protokol pengekstrakan sejagat untuk semua organisma akuatik.

Proteomik dalam Kajian Biodiversiti



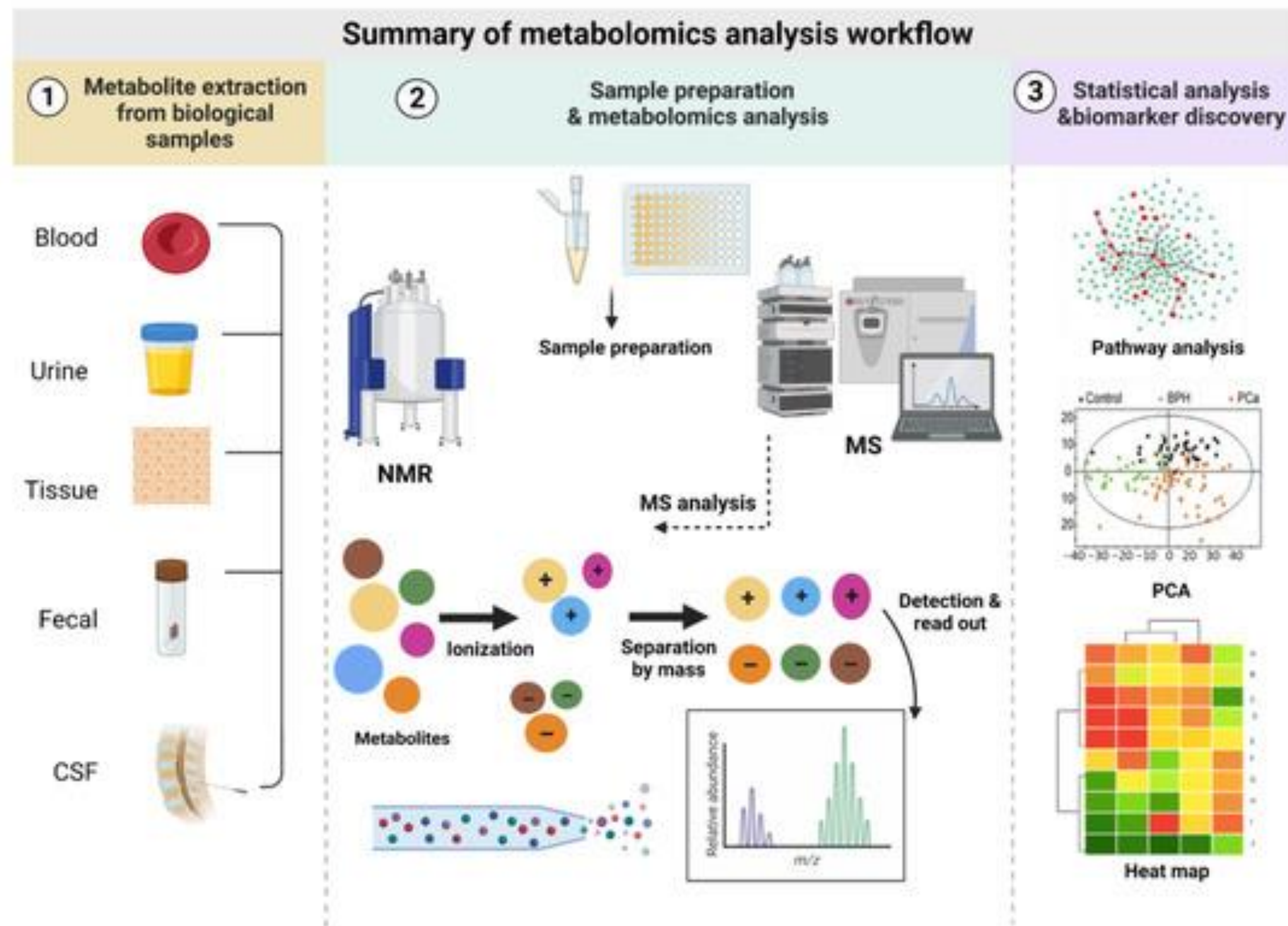
Proteomik dalam Kajian Biodiversiti

Proteomics Workflow

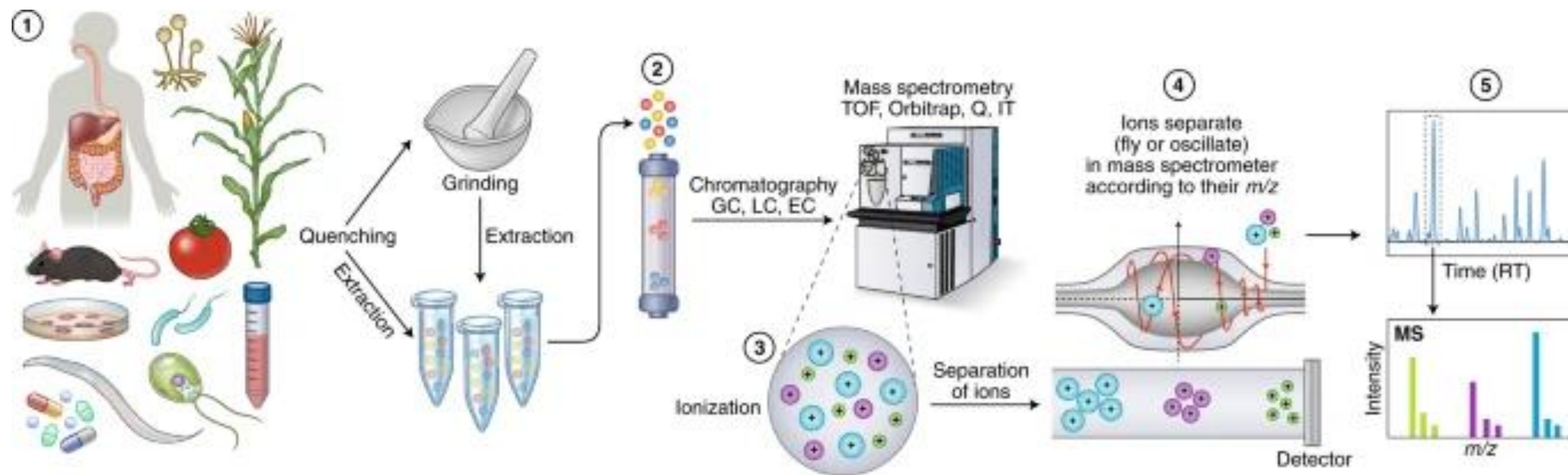


Metabolomik

Metabolomik ialah kajian sistematik metabolit kecil dalam sampel biologi, memberikan gambaran langsung aktiviti biokimia dalam badan. Ia boleh digunakan untuk membangunkan biomarker baru.



Metabolomik



Sample preparation and extraction

- Avoid environmental perturbation during harvesting
- Control environment: harvesting at the same time and under the same conditions
- Snap-freezing in liquid nitrogen
- Enzyme quenching: completely terminate all enzyme activities
- Standards spiked into the quenching solvent
- Grinding, isolation of cells, fast-filtration or aspiration

Sample replication and randomization

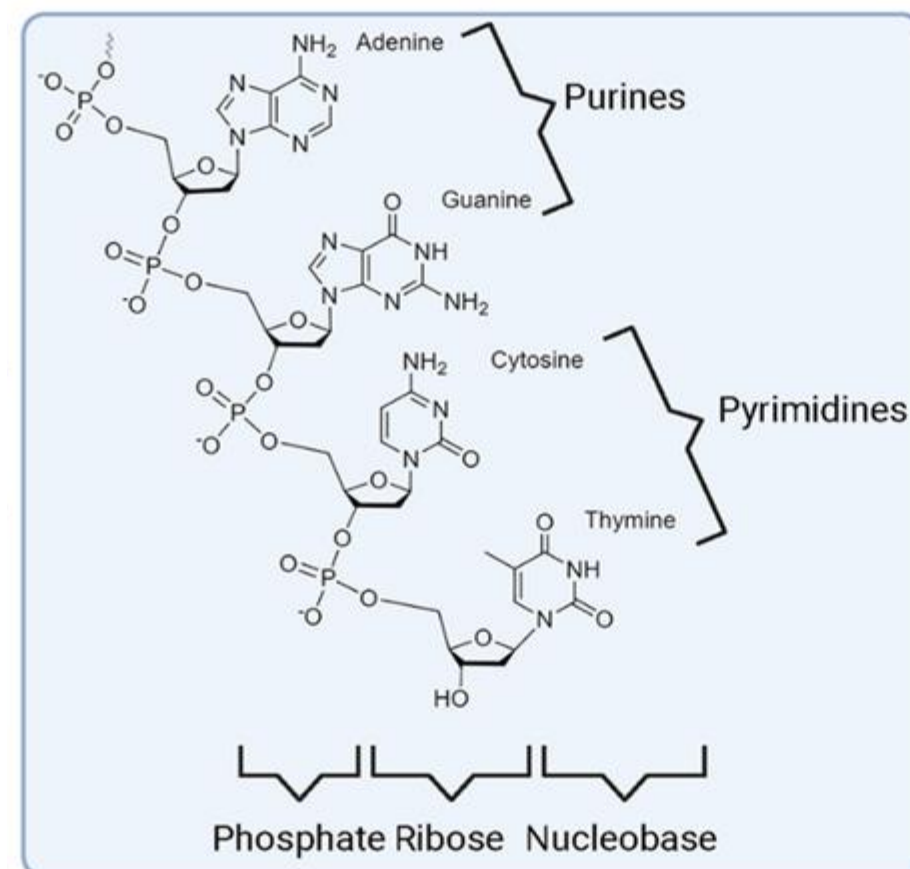
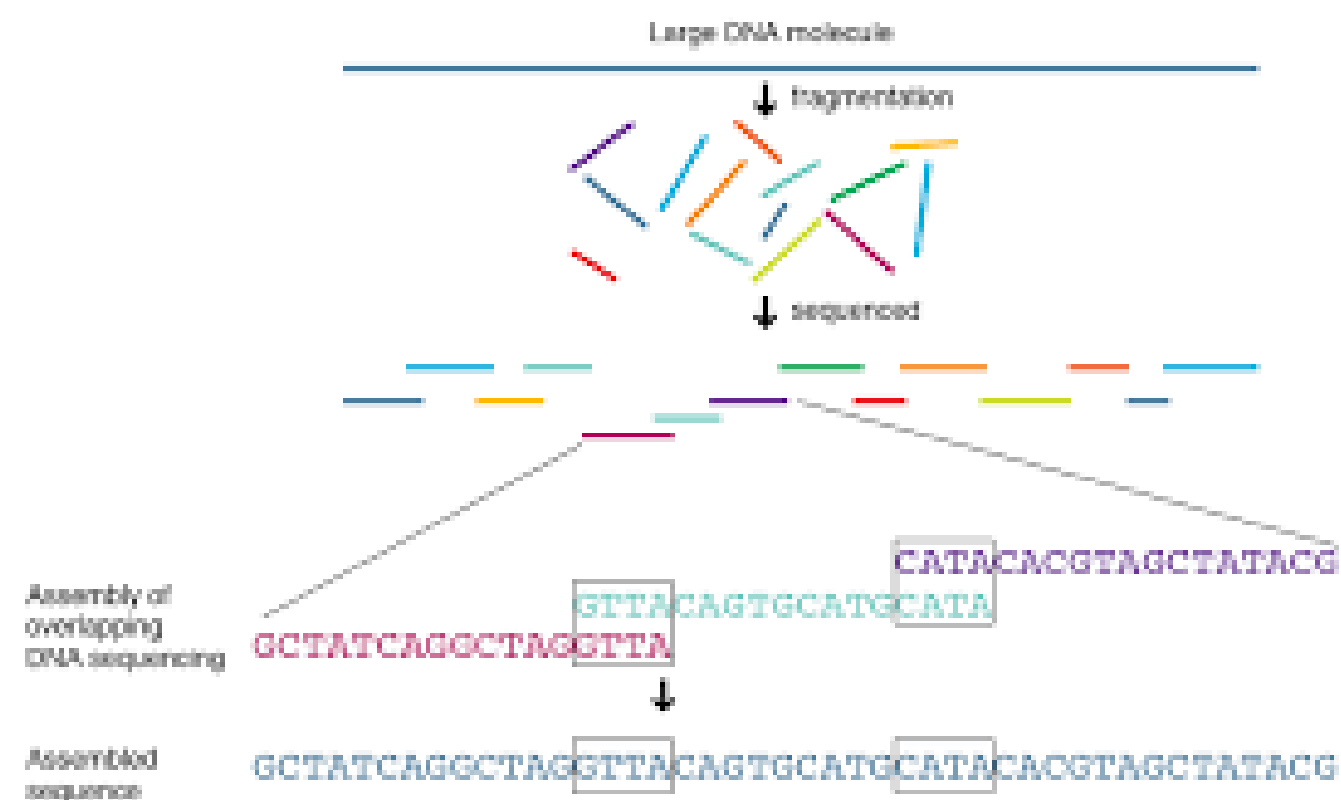
- At least four biological replicates, preferably more
- Technical and analytic replicates are worthy of consideration
- Randomization of samples throughout workflows is essential
- In large-scale studies, quality-control samples and batch correction are essential

Chromatography-mass spectrometry

- Separation methods, composition of the mobile phase, column properties and injection volume
- Metabolites are within their range of detection
- Avoid ion suppression: dilution of extracts, sonication, filtration or centrifugation, recovery test
- Choosing ionization source and type of detection mode, MS method, scan number and speed, MS/MS and energy for fragmentation

Sequencing Principle

- Pendekatan untuk menentukan jujukan nukleotida dalam molekul DNA. Ia digunakan untuk memahami maklumat genetik, mengenal pasti gen dan mutasi, dan menyokong penyelidikan dalam bidang perubatan, forensik, evolusi dan bioteknologi.

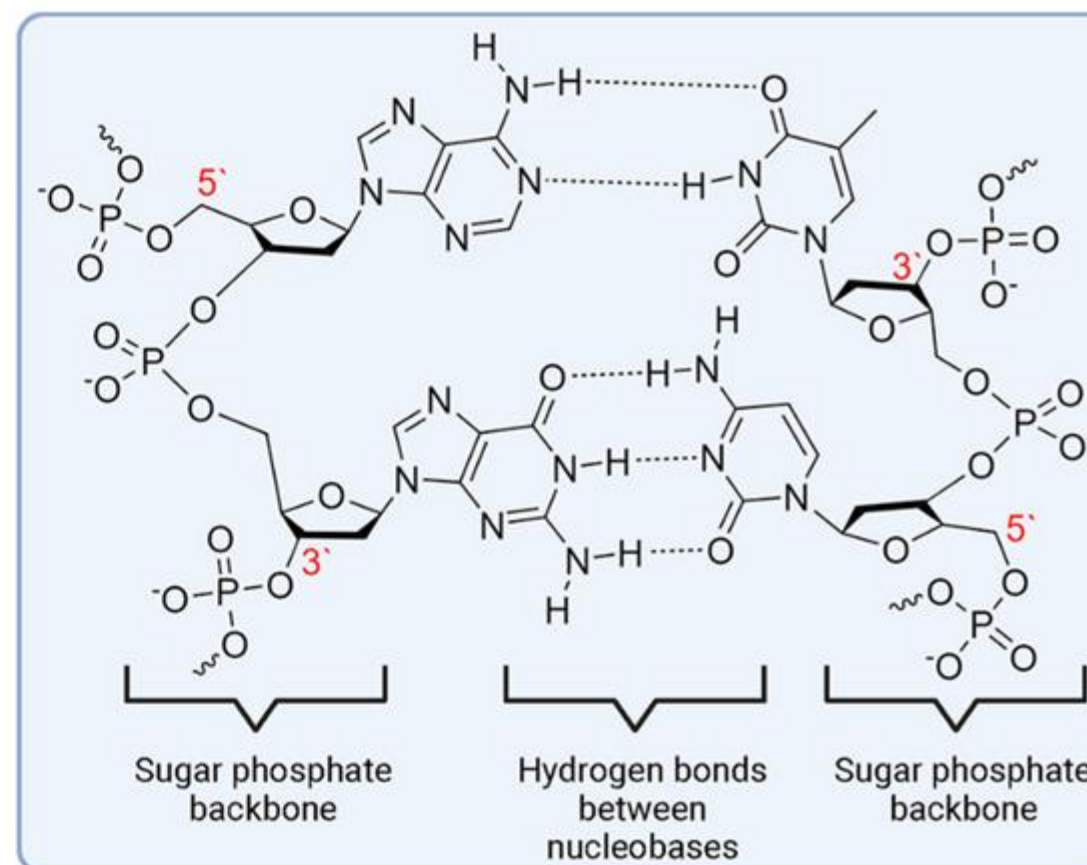


Nitrogen base

Purin



Pirimidin



Pasangan basa:



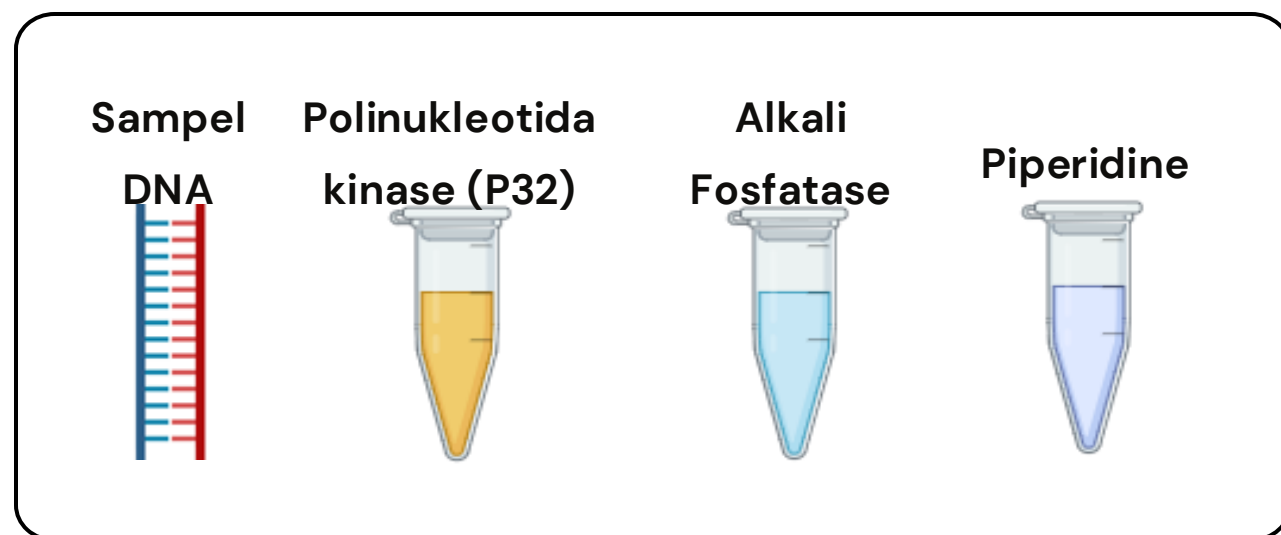
Two hydrogen bonds



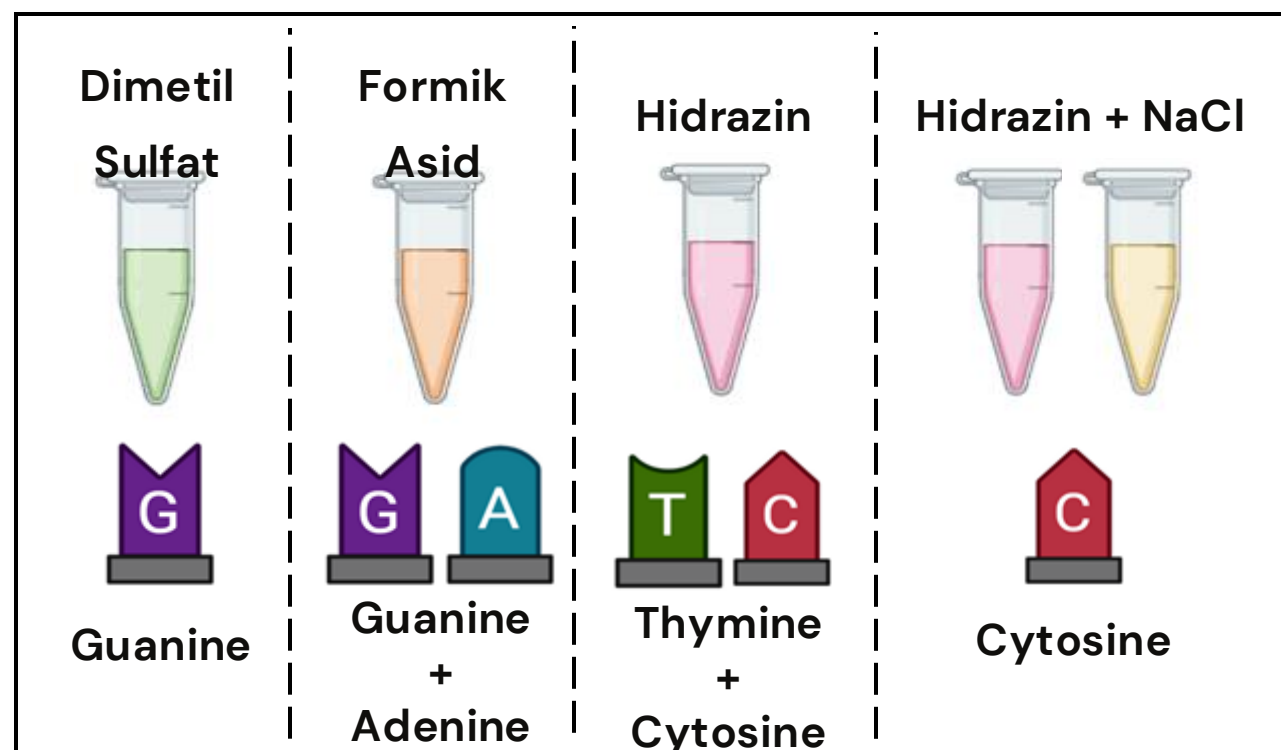
Three hydrogen bonds

Penjujukan Generasi Seterusnya

Penjujukan Maxam-Gilbert



Reagen Kimia



Purin

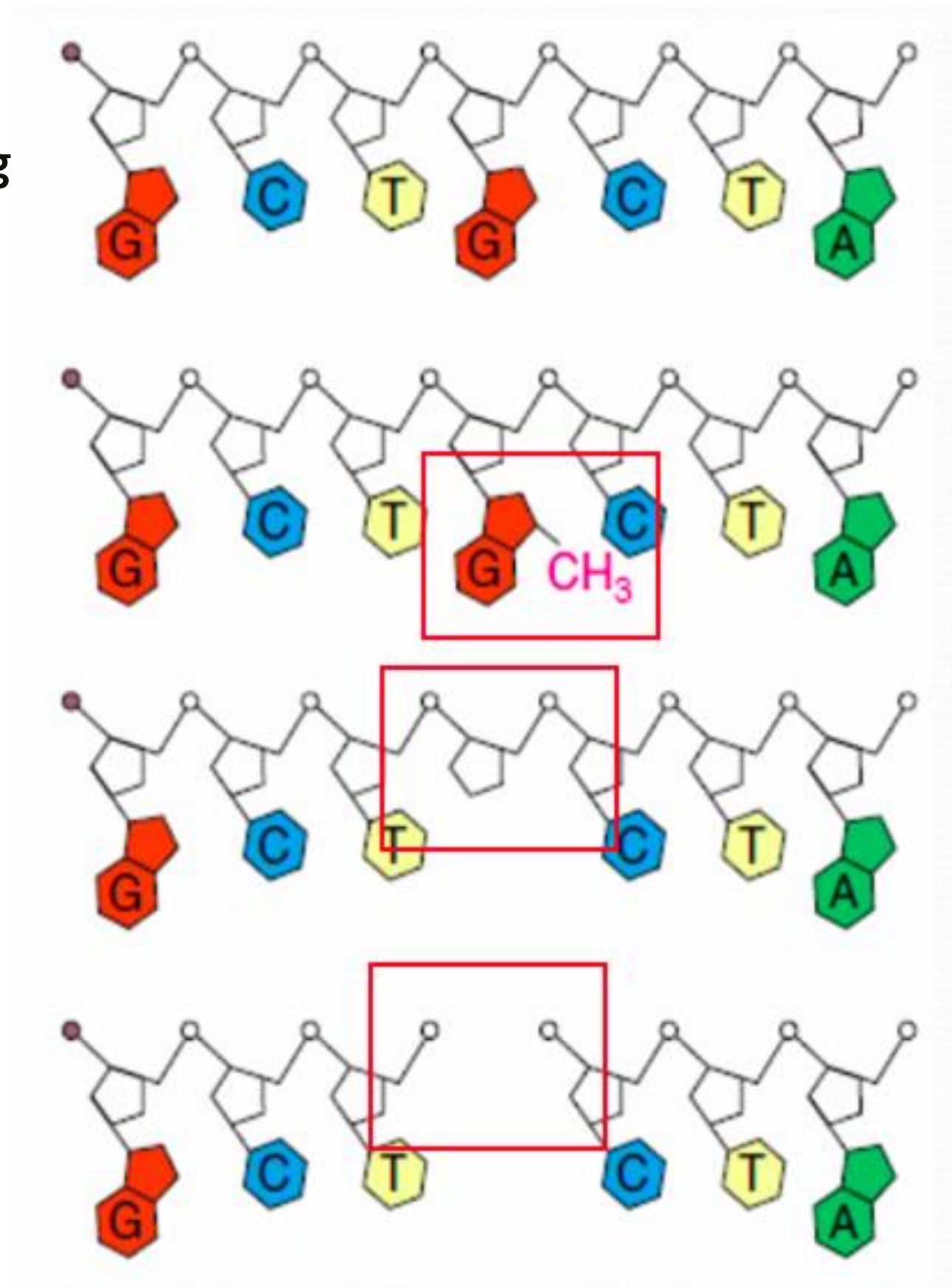
Pyrimidine

DNA dilabelkan pada satu hujung dengan P-32

Pengubahsuaian asas

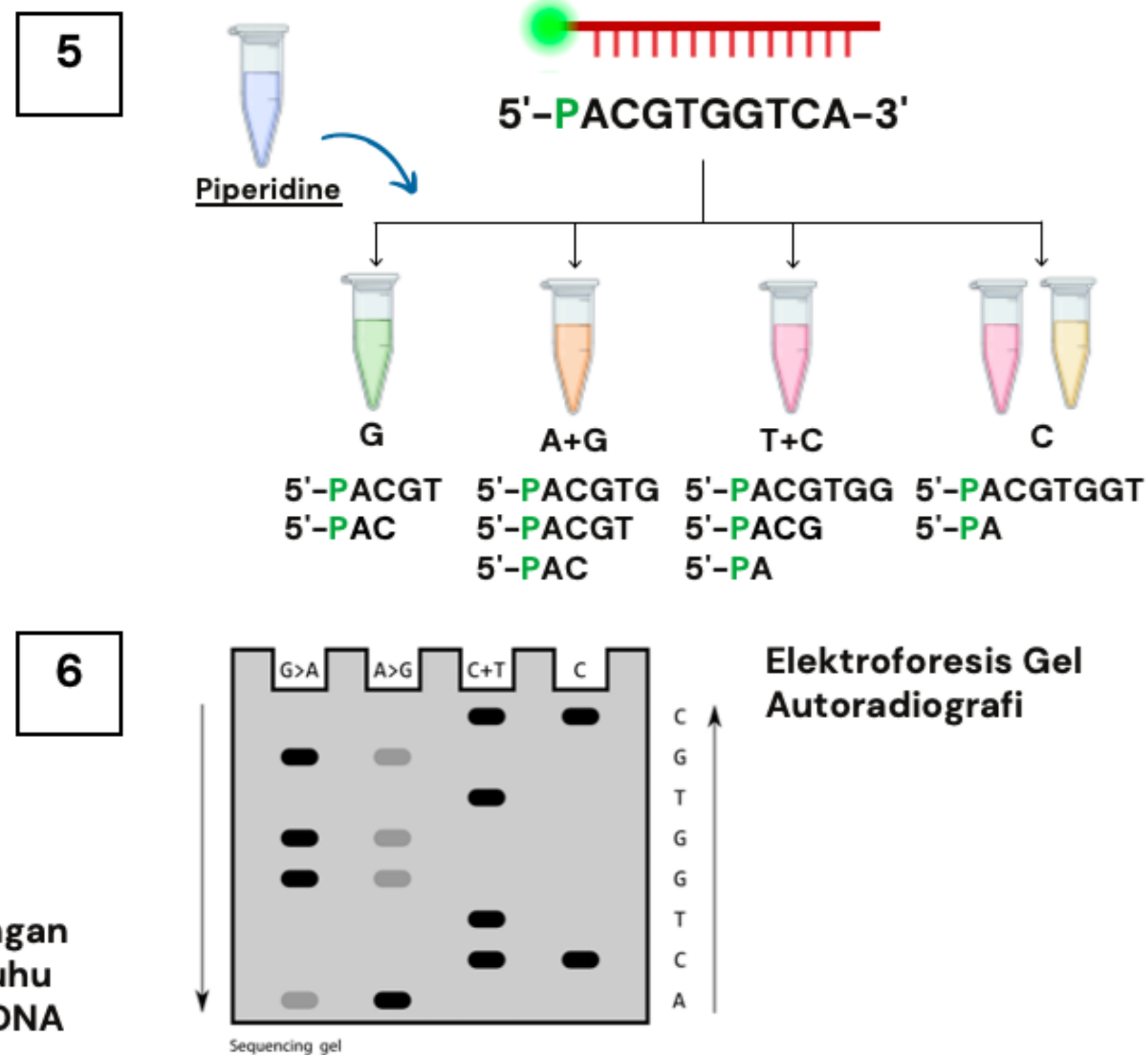
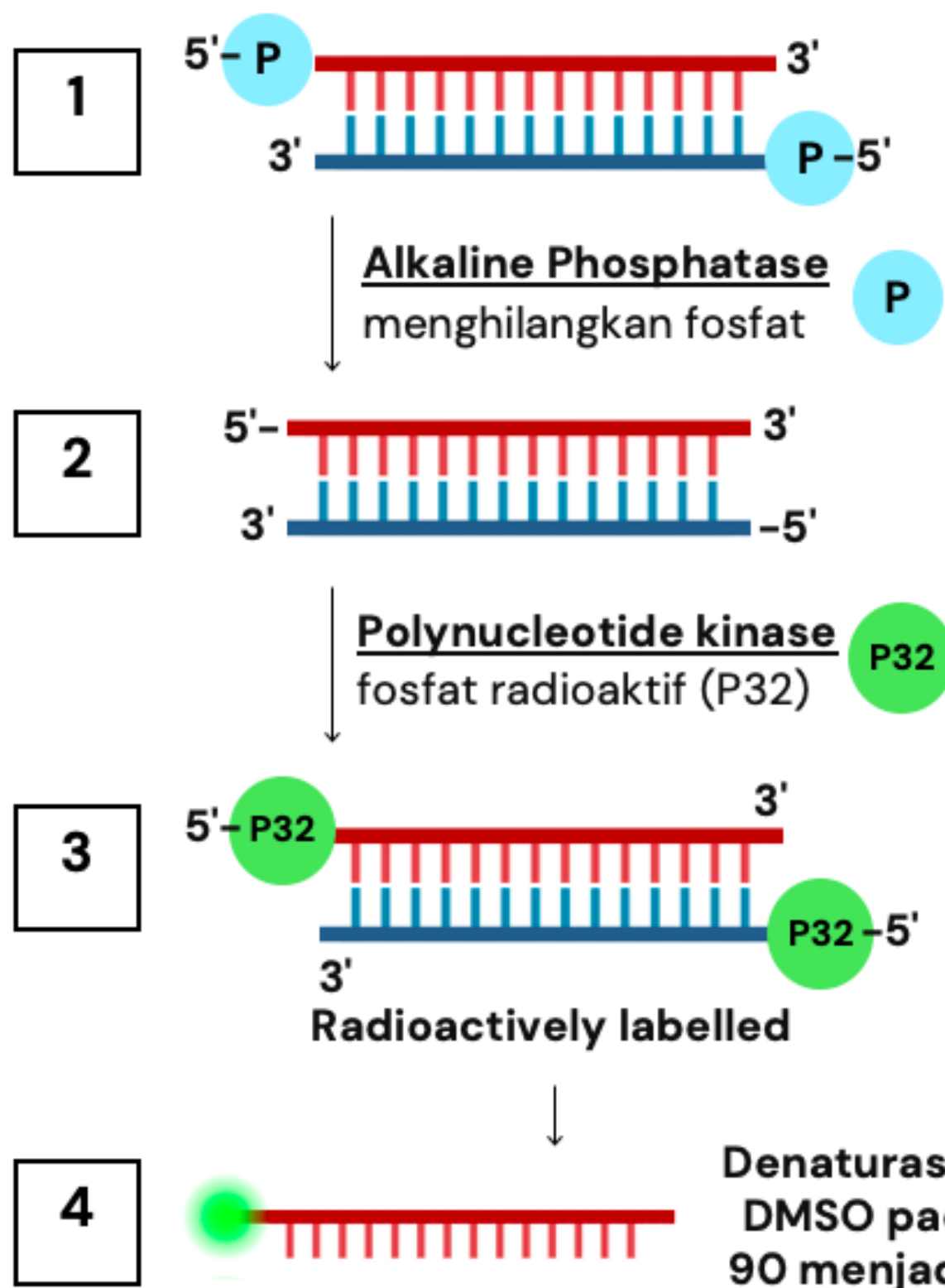
Pelepasan asas reaktif

Belahan helai



Penunjukan Generasi Seterusnya

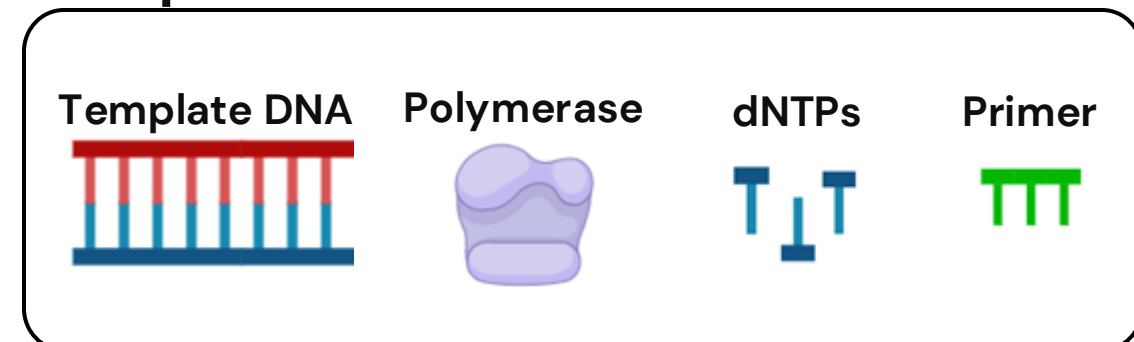
Penunjukan Maxam-Gilbert



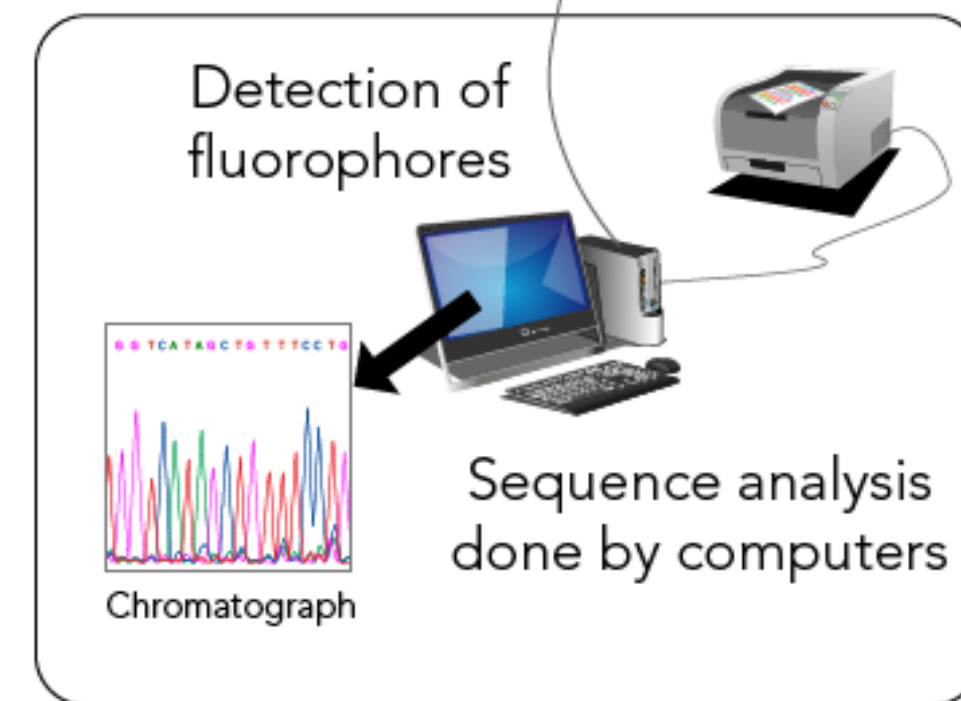
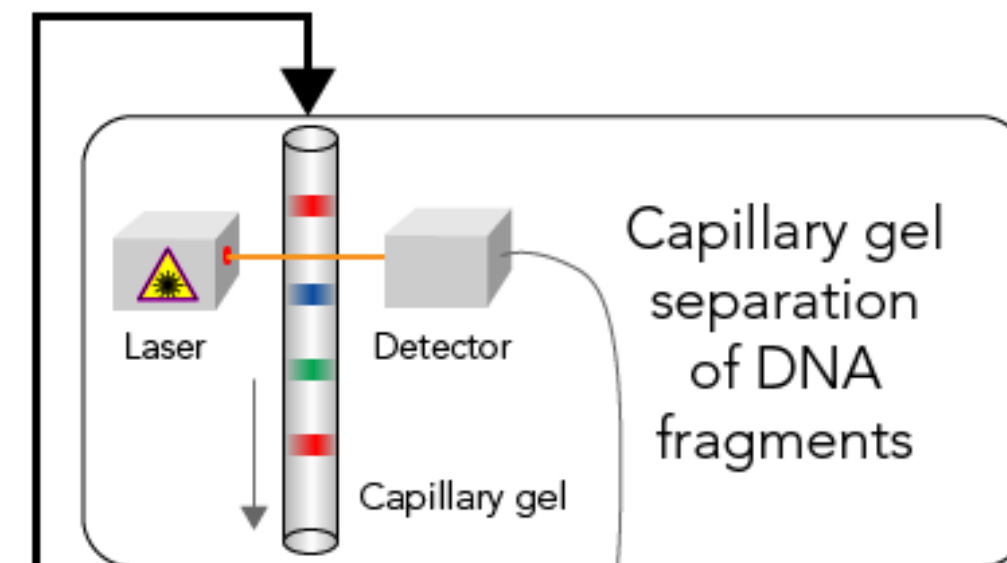
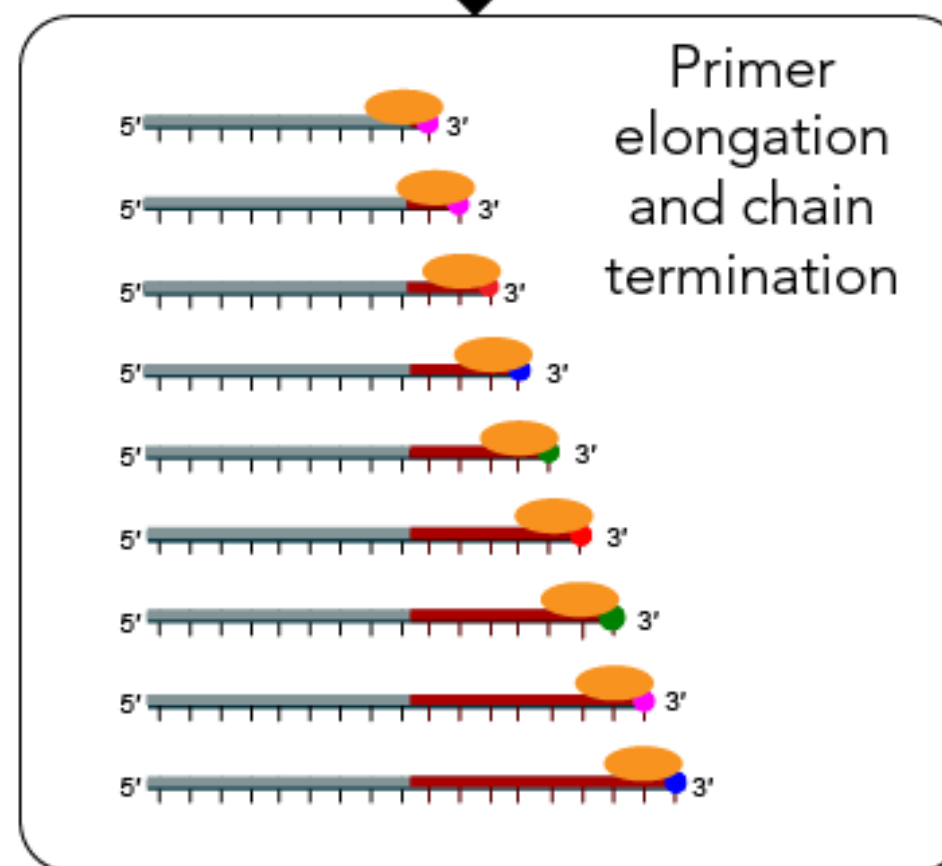
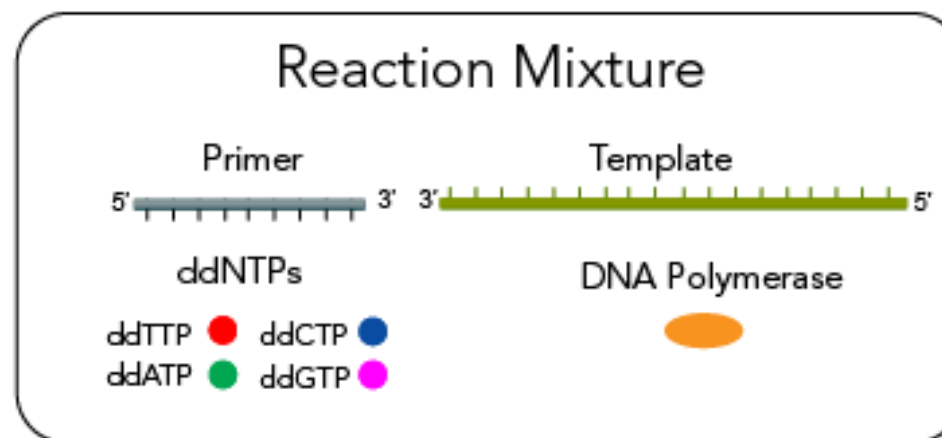
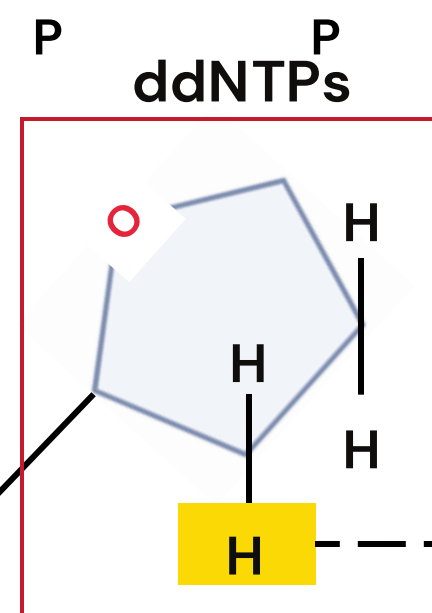
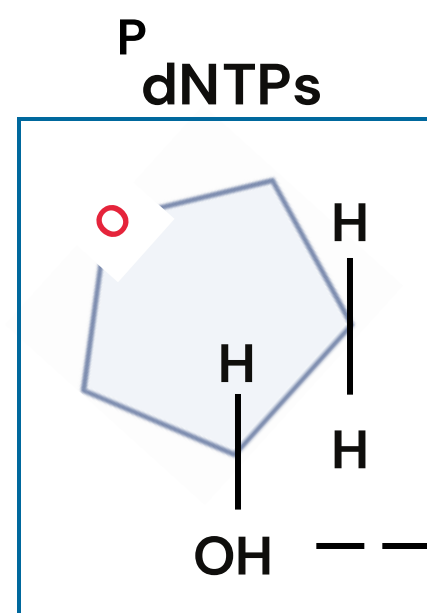
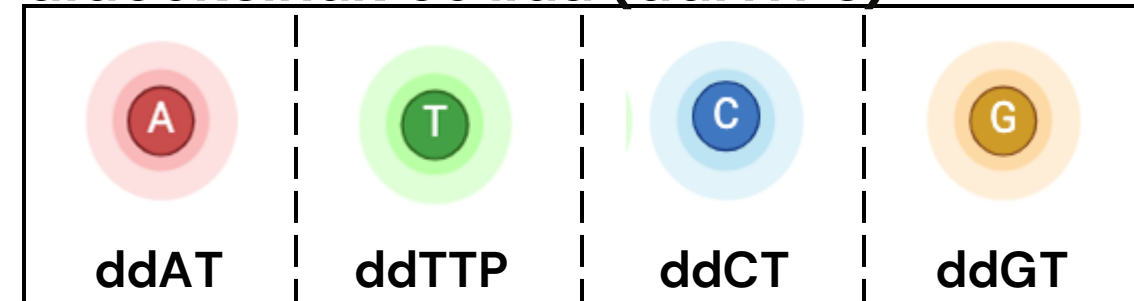
Penunjukan Generasi Seterusnya

Penunjukan Sanger

Komponen



dideoksinukleotida (ddNTPs)



PENAMATAN
Tidak dapat mengikat

Penjujukan Generasi Seterusnya

Penjujukan Generasi Seterusnya

Langkah 1:

**Pengekstrakan
DNA**

Langkah 2:

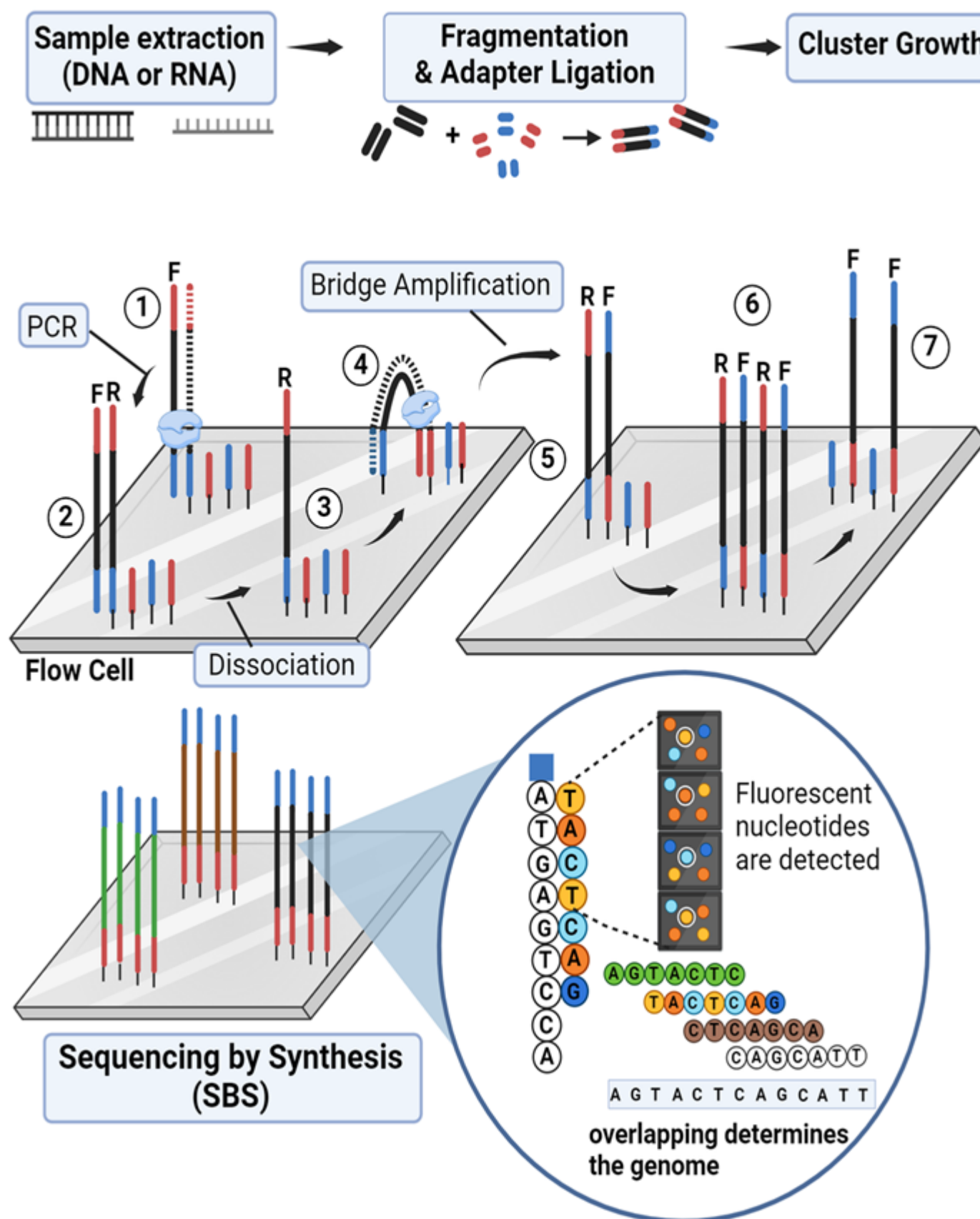
**Penyediaan
Perpustakaan**

Langkah 3:

Penjujukan

Langkah 4:

Analisis



Serpihan DNA (+penyesuai) melekat pada oligonukleotida pelengkap pada sel aliran

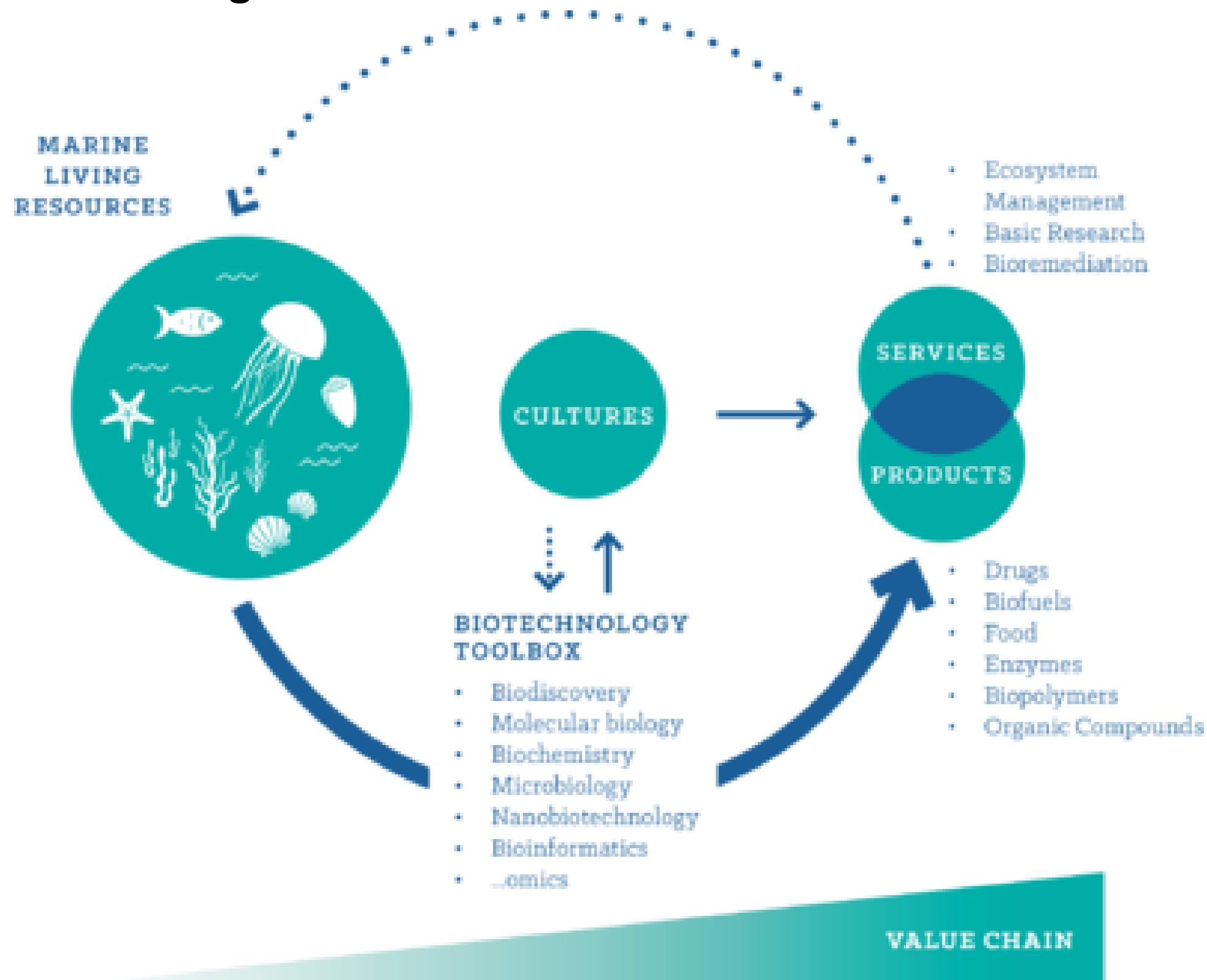
Helai terbalik disintesis, kemudian DNA untai dua didenaturasi, dan untai DNA asal dilepaskan.

Helai DNA dikuatkan melalui penguatan jambatan; helai itu melipat, dan hujung bebasnya mengikat oligonukleotida terdekat, membentuk jambatan untai dua, yang kemudiannya dindenaturasi semula.

Selepas setiap kitaran penguatan, laser mengimbas sel aliran untuk mengaktifkan label pendarfluor pada bes nukleotida.

Cahaya dikesan oleh komputer, dan asas yang bertindih akan menentukan jujukan genom.

Prinsip Bioteknologi Marin



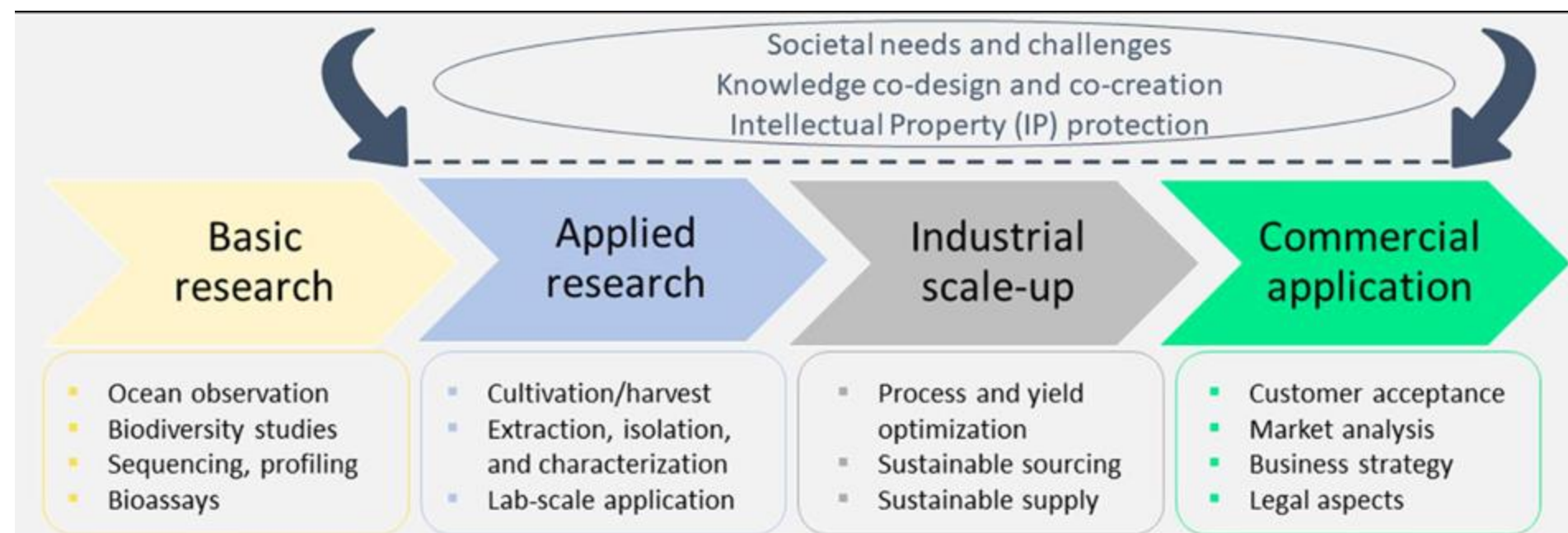
Konsep utama

Bioekonomi → penggunaan sumber biologi untuk pengeluaran dan tenaga yang mampan.

Produk marin → Sebatian bioaktif, enzim dan polimer yang dihasilkan oleh organisma marin mempunyai potensi besar untuk digunakan dalam farmaseutikal, kosmetik, bahan makanan dan banyak lagi.

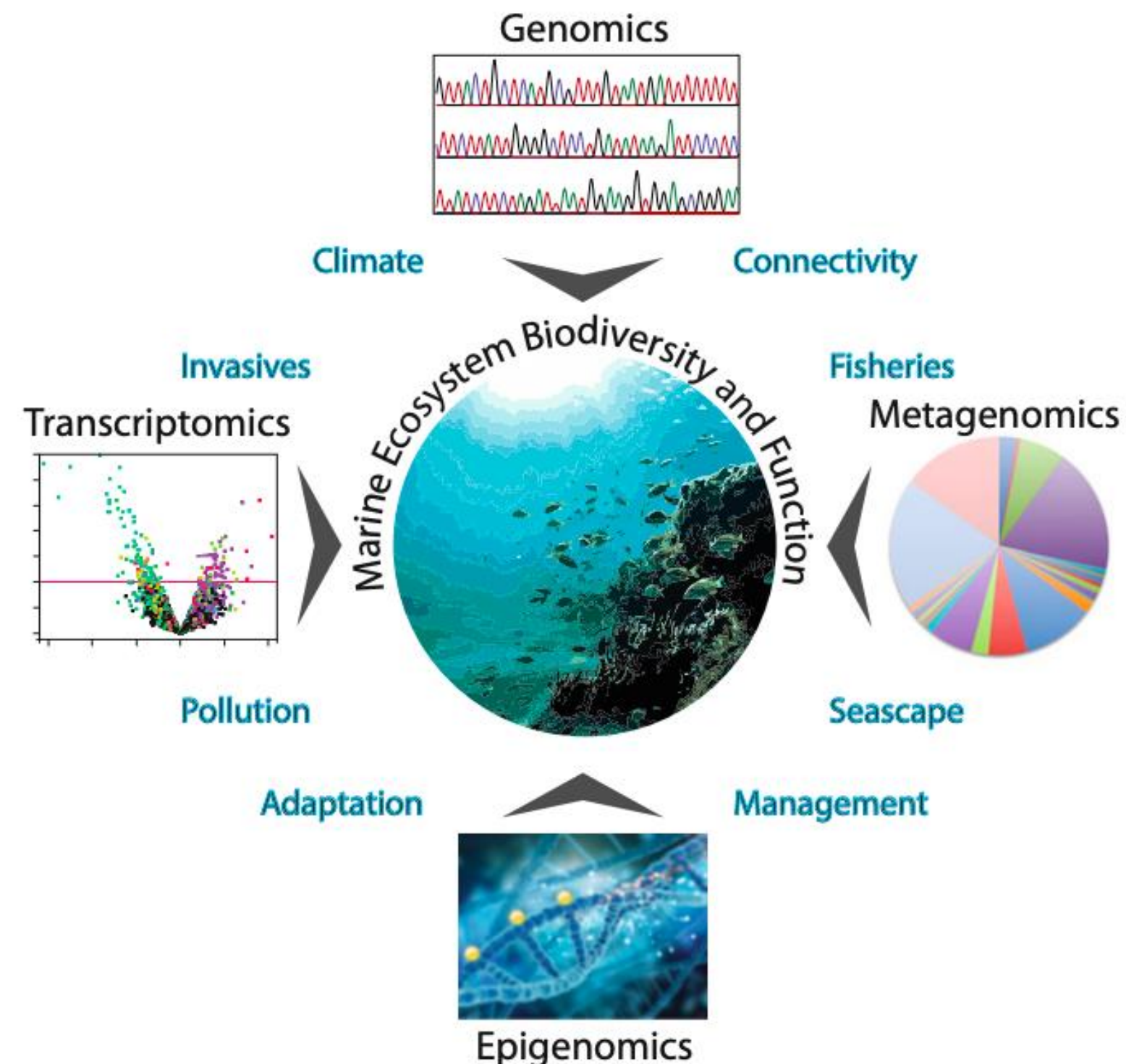
Bioprospek → penerokaan organisma marin untuk menemui sebatian atau gen yang mempunyai nilai praktikal.

Prinsip Bioteknologi Marin

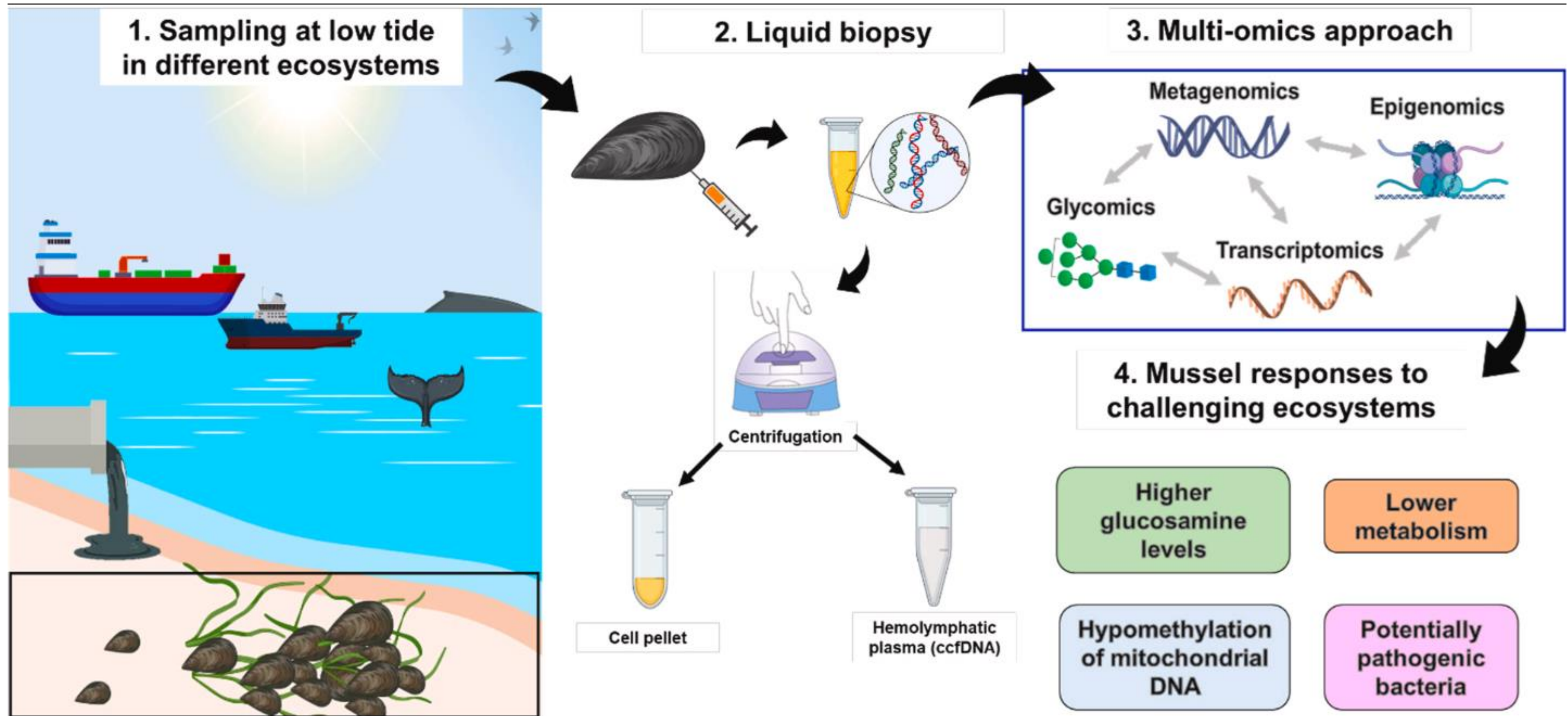


Aliran Kerja Bioteknologi Marin

- Penerokaan dan bioprospek
- Ujian makmal
- Pengesahan keperluan pasaran
- Reka bentuk bersama dan penciptaan bersama
- Penglibatan awam
- Penskalaan pengeluaran dan pengkomersialan

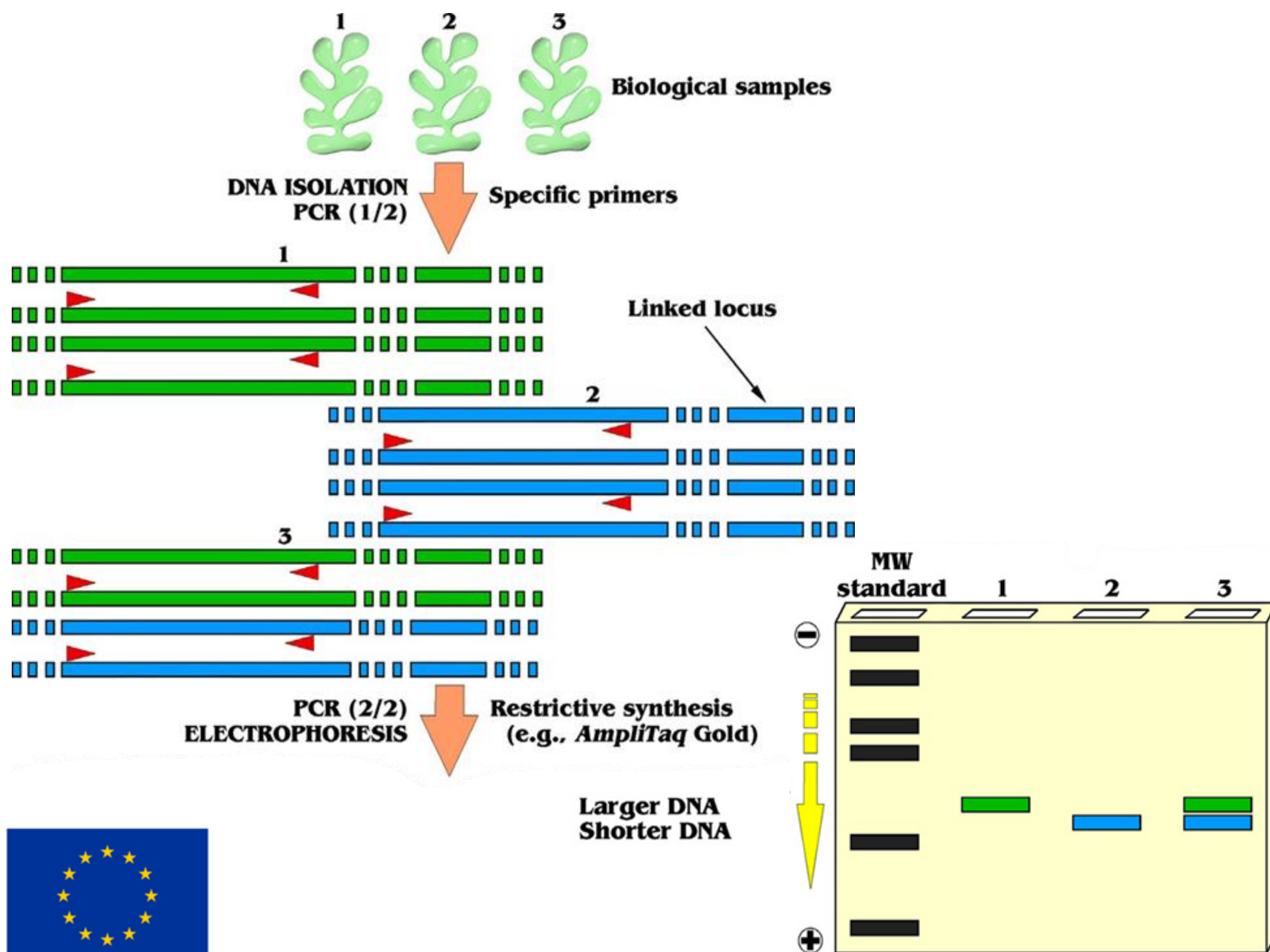


Prinsip Bioteknologi Marin

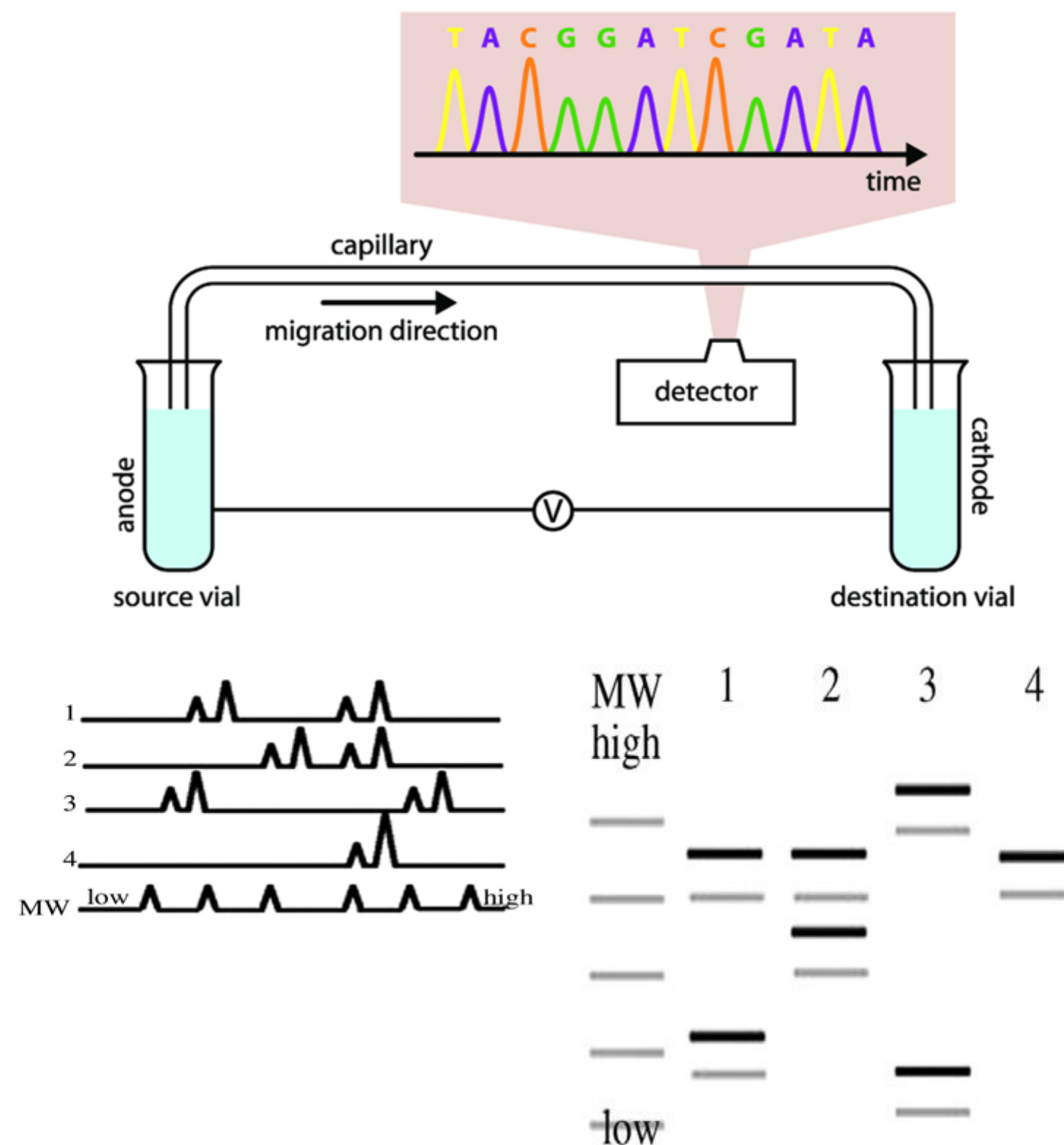


Pengesanan kepelbagaian berasaskan mikrosatelit

Elektroforesis Gel Poliakrilamida



Elektroforesis Kapilari



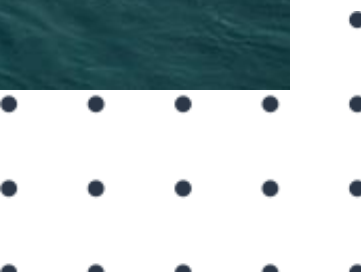
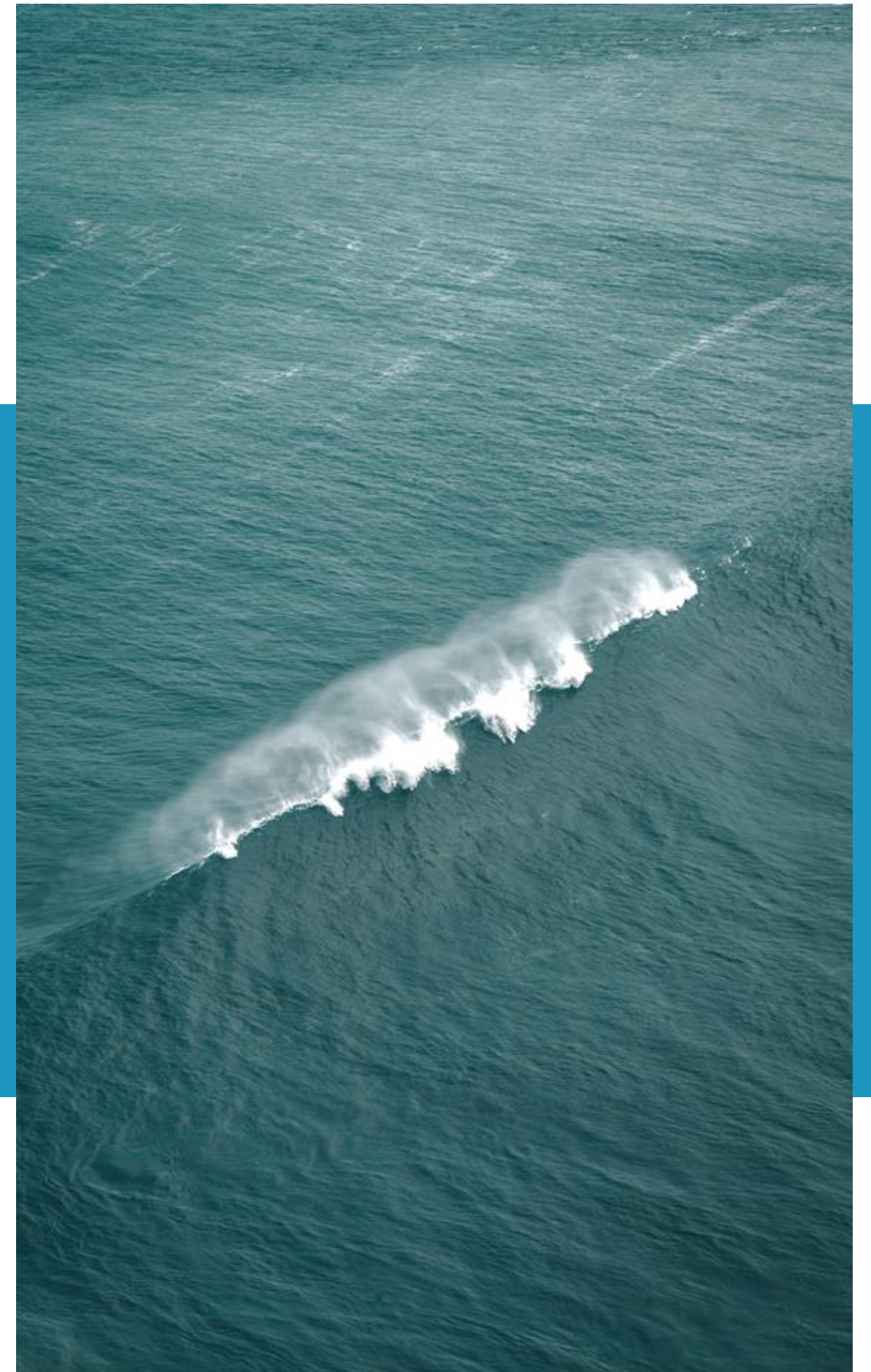
02

Teknologi Pengekodaan Bar

DNA dalam Pengenalpastian

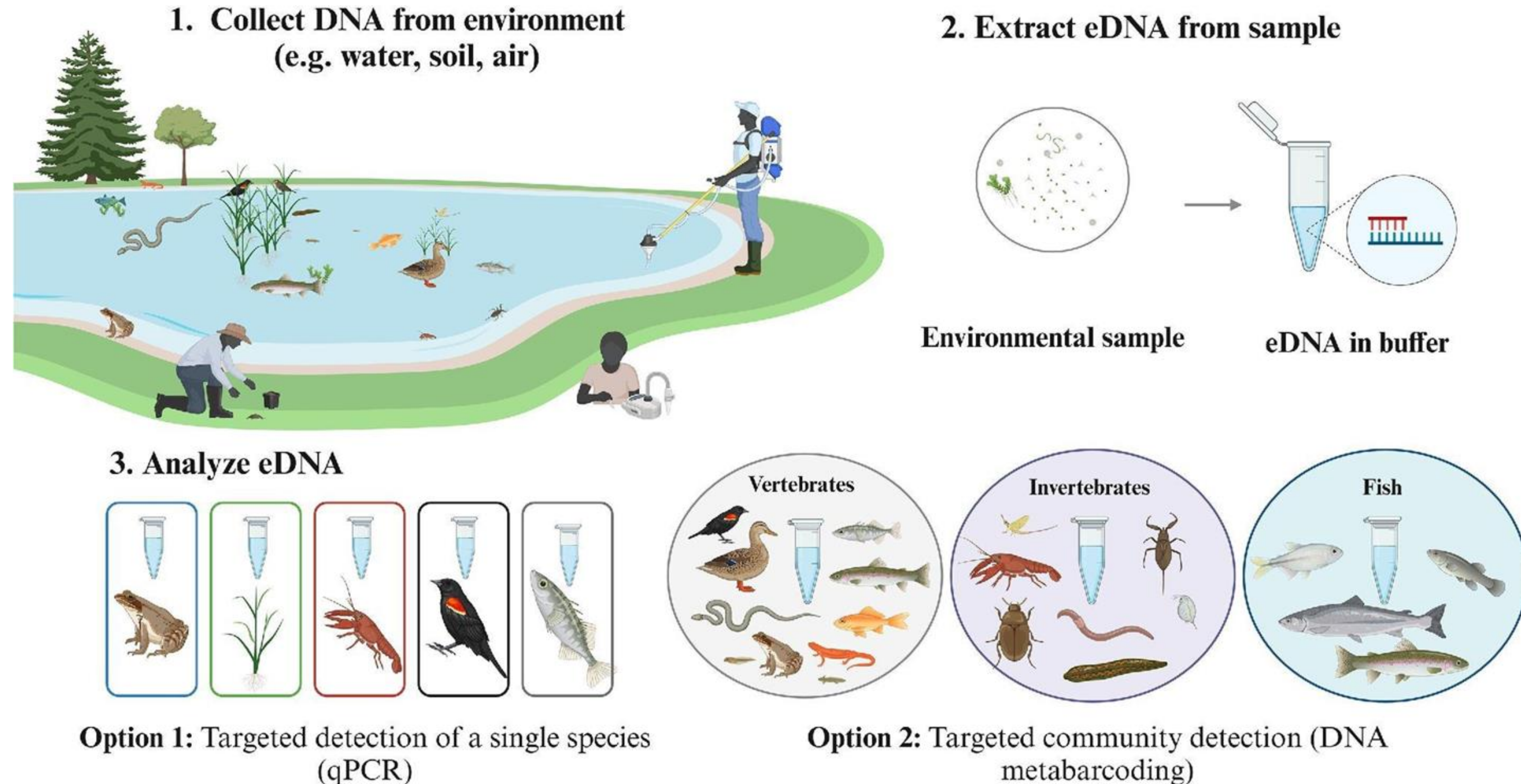
Spesies dan Analisis

Biodiversiti



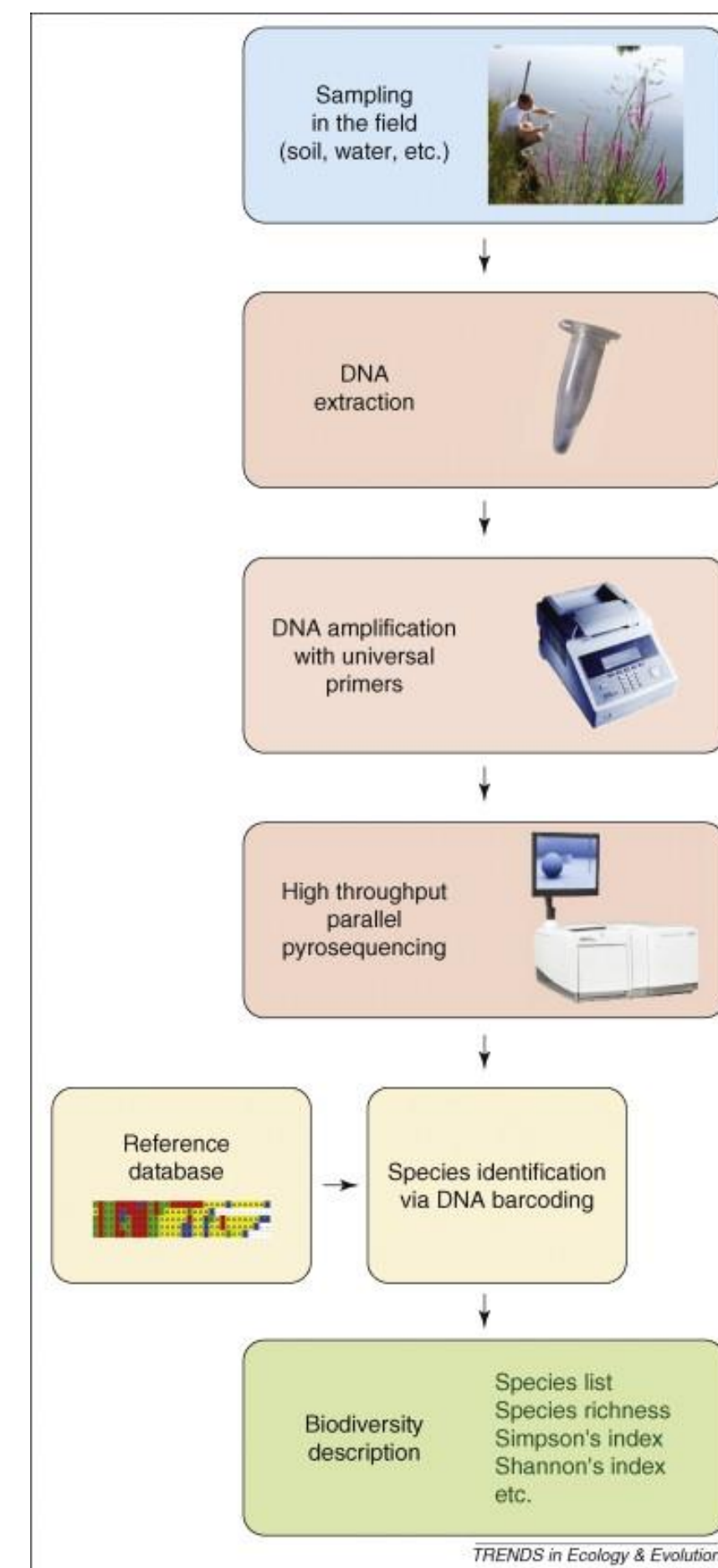
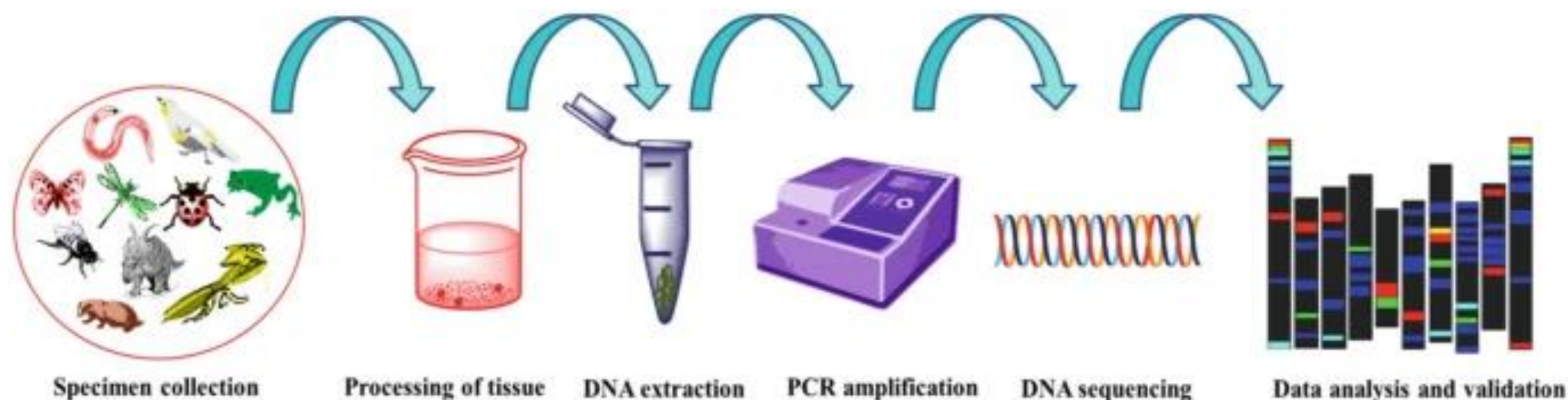
Pengekodaan Bar DNA

Penerokaan Biodiversiti Marin



Penerokaan Biodiversiti Marin

Kod bar DNA ialah kaedah untuk mengenal pasti spesies biologi menggunakan segmen DNA genetik yang pendek dan piawai. Pendekatan ini bergantung pada jujukan DNA tertentu yang dipelihara dalam spesies tetapi berbeza antara spesies.



Pengekodaan Bar DNA

Penerokaan Biodiversiti Marin

Animals	Cytochrome c oxidase subunit I (COI)	- Located in mitochondrial DNA (mDNA) - Standard marker for animal DNA barcoding
Plants	- Ribulose-1,5-biphosphate carboxylase large subunit (<i>rbcL</i>) - Maturase K (<i>matK</i>)	<i>rbcL</i> and <i>matK</i> are in the chloroplast DNA (cpDNA) <i>rbcL</i> is widely used for its broad utility across plant taxa. <i>matK</i> shows greater variation than <i>rbcL</i>, making it useful for species-level identification.
Fungi	Internal transcribed spacer (ITS) region	Located between the 18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNA genes
Bacteria	16S ribosomal RNA (16S rRNA)	Part of the bacterial ribosomal DNA.



Identification Summary:

Taxonomic Level	Taxon Assignment	Probability of Placement (%)
Phylum	Arthropoda	100
Class	Insecta	100
Order	Diptera	100
Family	Drosophilidae	100
Genus	Drosophila	100

Similarity Scores of Top 99 Matches:

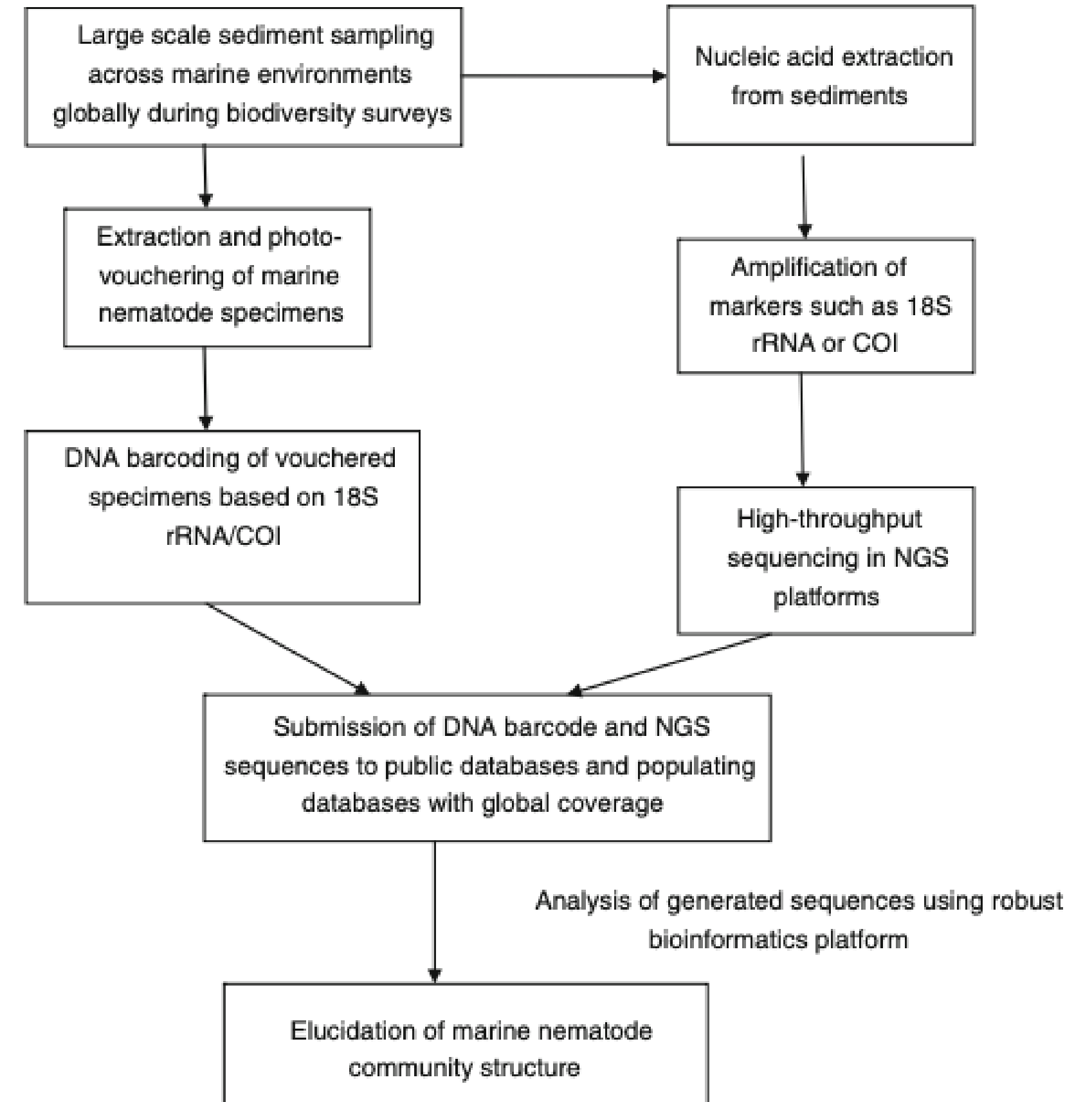
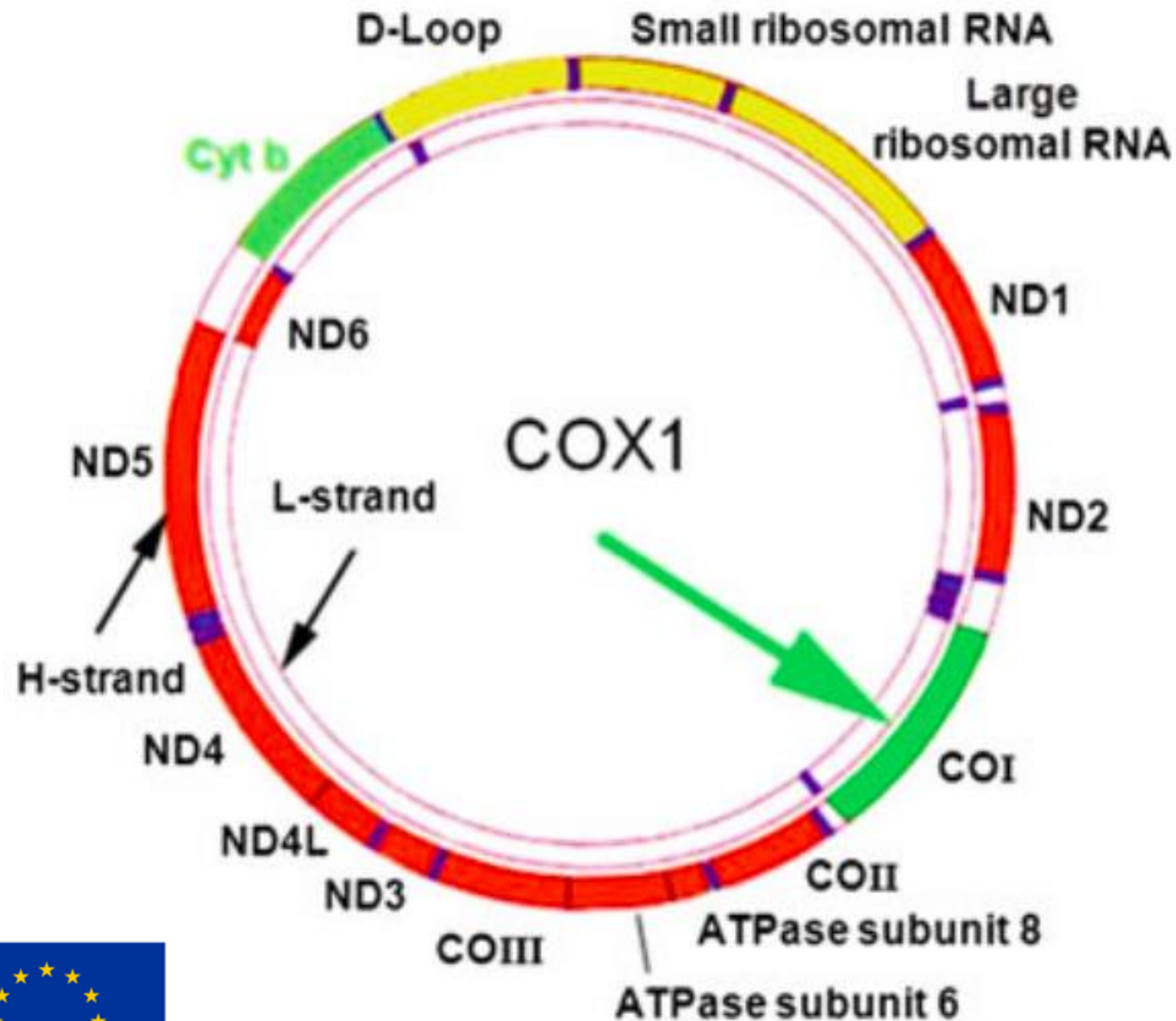


TOP 20 Matches :

Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Subspecies	Similarity (%)	Status
Arthropoda	Insecta	Diptera	Drosophilidae	Drosophila	melanogaster		100	Published
Arthropoda	Insecta	Diptera	Drosophilidae	Drosophila	melanogaster		100	Published
Arthropoda	Insecta	Diptera	Drosophilidae	Drosophila	melanogaster		100	Published
Arthropoda	Insecta	Diptera	Drosophilidae	Drosophila	melanogaster		100	Published
Arthropoda	Insecta	Diptera	Drosophilidae	Drosophila	melanogaster		100	Published



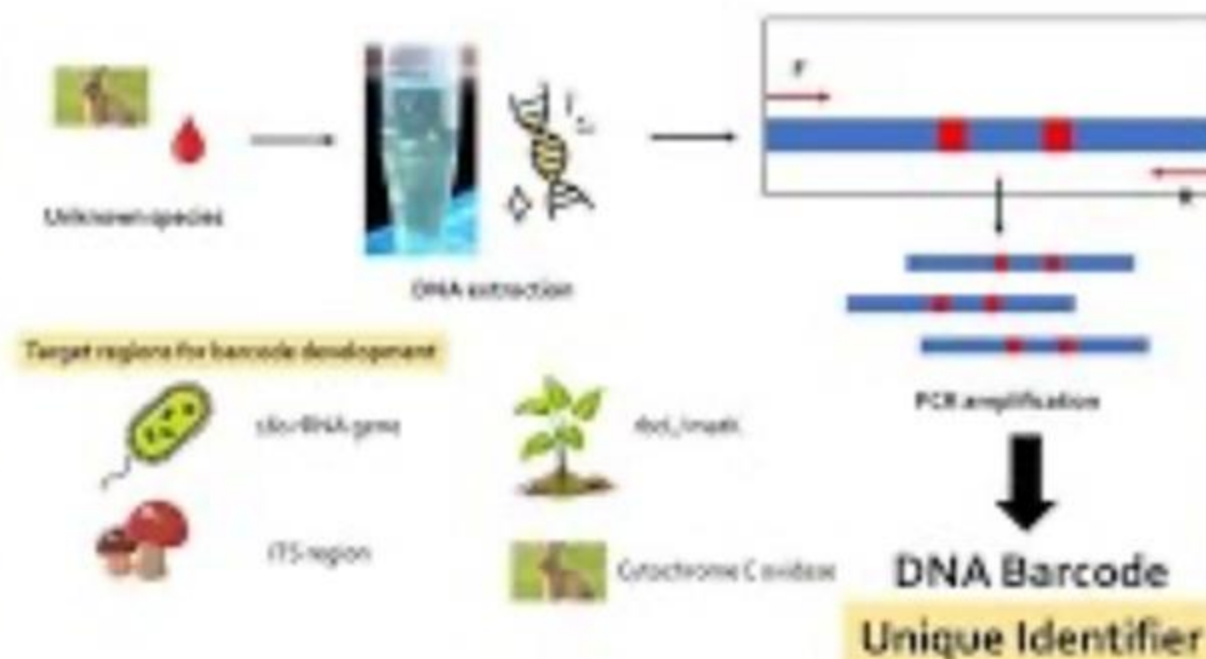
Penerokaan Biodiversiti Marin



How DNA Barcoding works ?

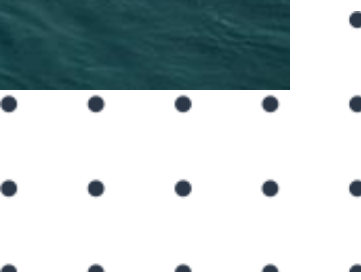
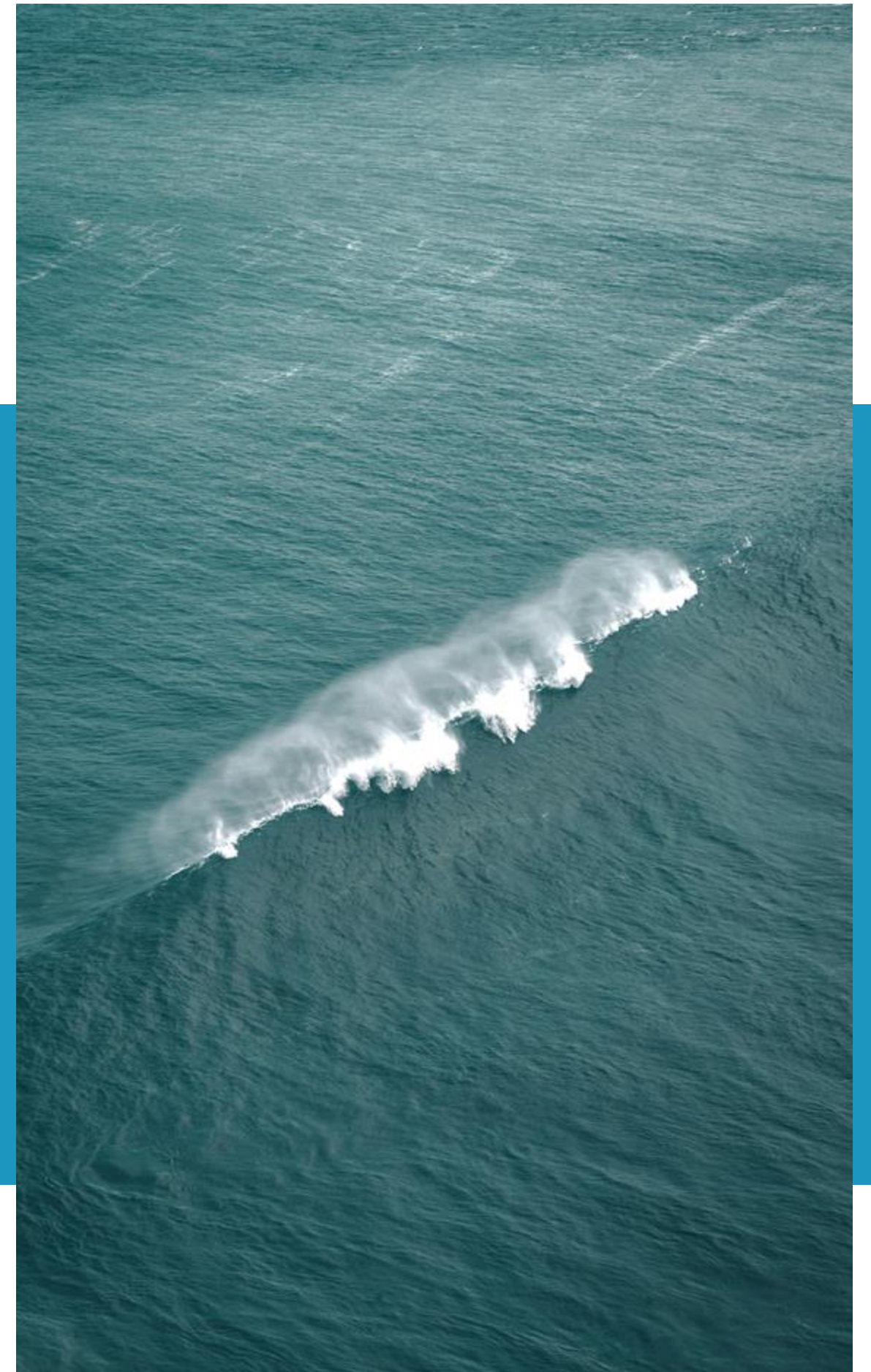


Similar in appearance



03

Aplikasi Omik dan Pengekodaan Bar DNA dalam Pemuliharaan, Perikanan, dan Bioprospeksi



Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang

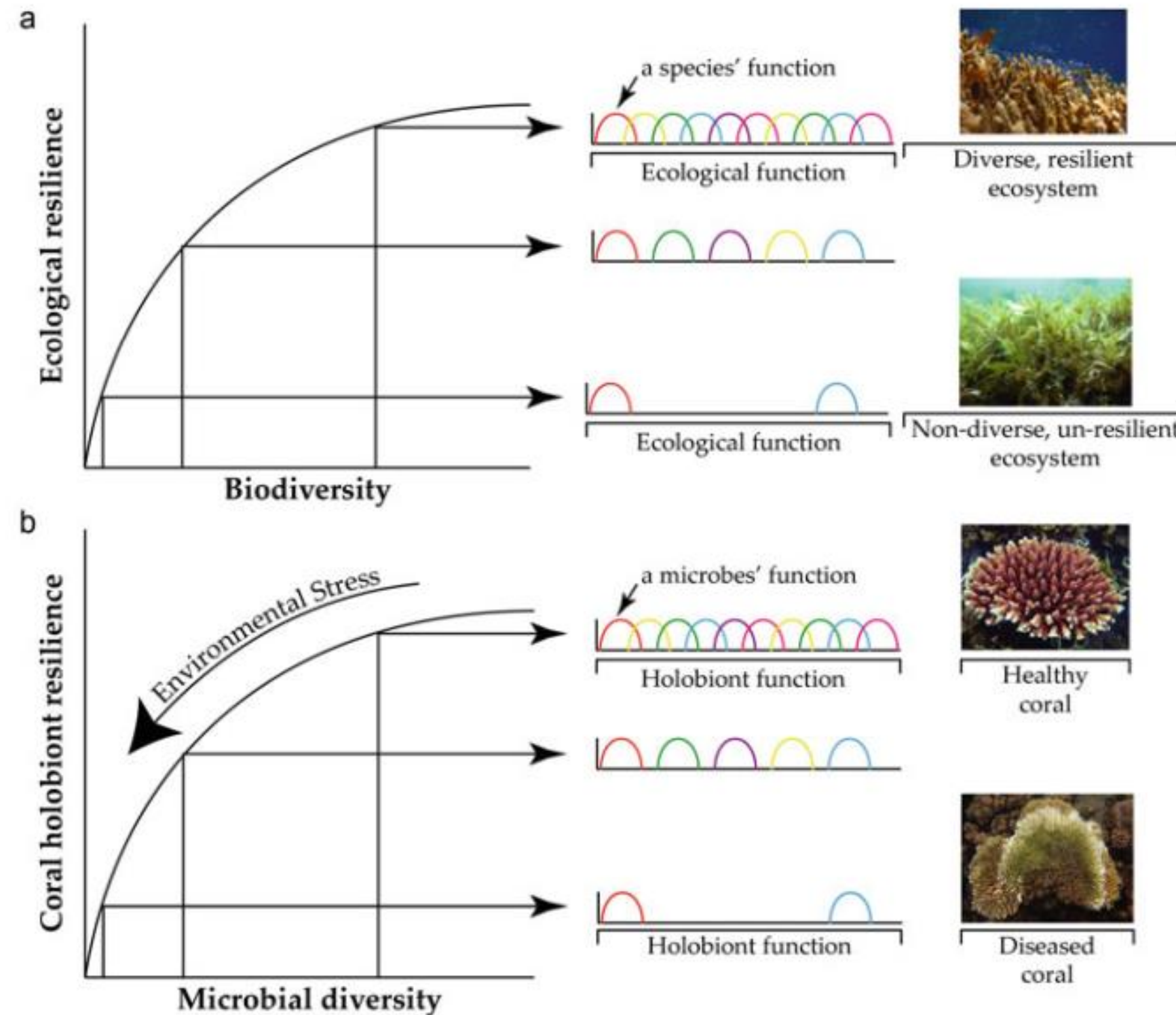
Stressor	Coral species	Microbial response	Source
Thermal changes	<i>Acropora muricata</i>	Shift towards <i>Verrucomicrobiae</i> - and <i>α-Proteobacteria</i> -dominated community	Lee et al. (2015)
Pollution/proximity to shore	<i>Orbicella faveolata</i> , <i>Porites astreoides</i> ; <i>Orbicella annularis</i>	Increase in bacterial diversity	Morrow et al. (2012); Klaus et al. (2007)
Pathogens	<i>Diploria strigosa</i> , <i>Siderastrea siderea</i> ; <i>Orbicella faveolata</i>	Increase in <i>α-Proteobacteria</i> , decrease in <i>β</i> - and <i>γ</i> - <i>proteobacteria</i> ; increase in diversity and <i>Rhodobacterales</i>	Cárdenas et. al. (2012); Sunagawa et al. (2009)
Eutrophication	<i>Acropora hemprichii</i>	Increase in diversity	Jessen et al. (2013)
Salinity	<i>Fungia granulosa</i>	Increase in abundance of <i>Rhodobacteraceae</i>	Röthig et al. (2016)

Kepekaan mikroorganisma dan kemampuan mereka untuk menunjukkan perubahan yang jelas dalam komposisi dan kelimpahan komunitas sebagai tindak balas kepada tekanan tertentu menyerlahkan potensi mereka sebagai penunjuk perubahan dalam ekosistem terumbu karang dan kesehatan perumah karang.



Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang



Hipotesis Rivet

Biodiversiti dalam ekosistem mewujudkan redundansi dan pelengkap berfungsi kerana bilangan niche ekologi yang terhad yang tersedia.

Oleh kerana fungsi yang bertindih, ekosistem yang kaya dengan biodiversiti cenderung lebih berdaya tahan terhadap perubahan — kehilangan satu atau dua spesies tidak akan memberi kesan ketara kepada keseluruhan ekosistem.

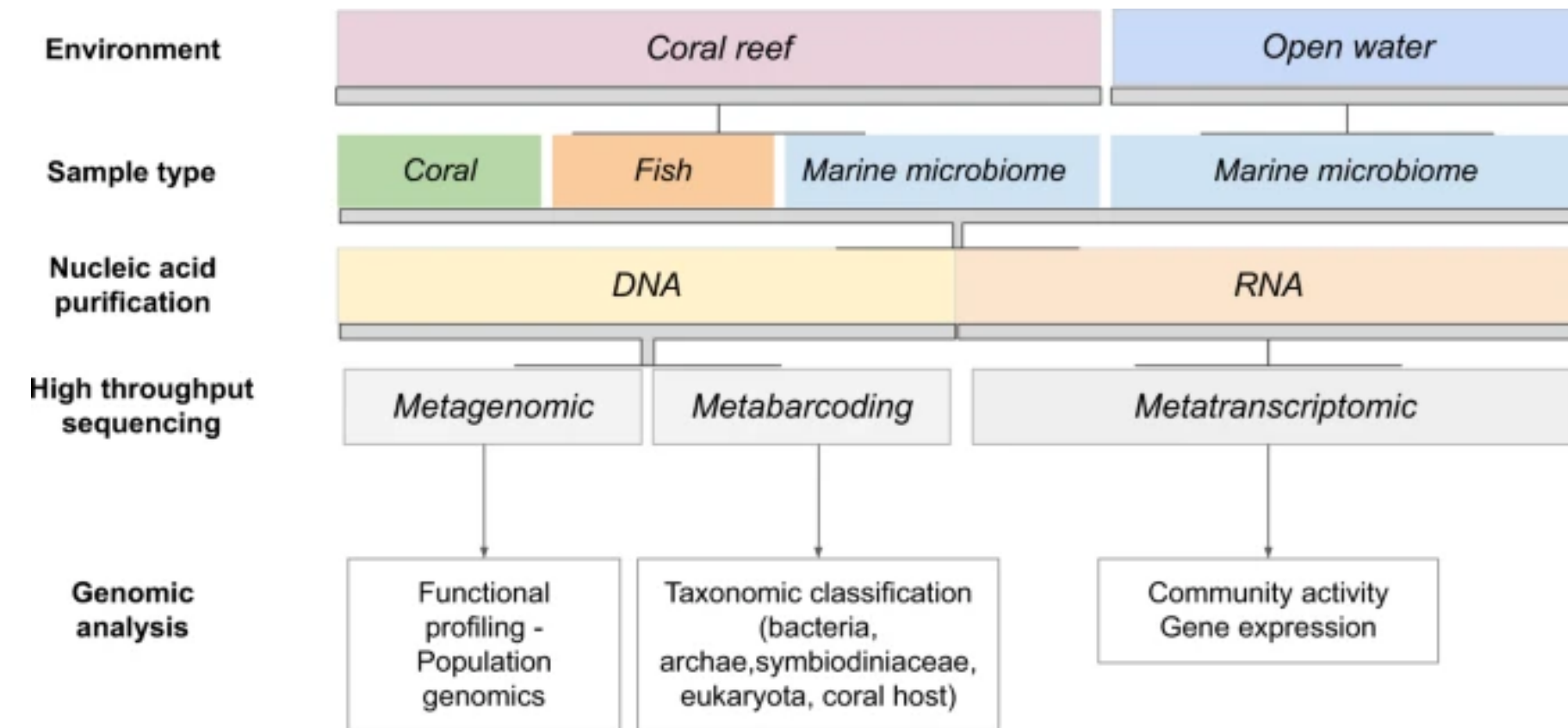
Struktur dan fungsi mikroorganisma dalam holobiont karang boleh mencerminkan peranan setiap spesies dalam sistem yang sangat pelbagai.

Mikrobiom karang juga boleh mengalami tekanan persekitaran dan bertindak balas terhadapnya — yang membawa kepada pengurangan kepelbagaian dan penurunan daya tahan perumah karang.

Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang

16S sequencing <i>"Who is there?"</i>	Metagenomics <i>"What can they do?"</i>	Metatranscriptomics <i>"What are they doing?"</i>
		
DNA region	DNA	RNA
Advantages: Relatively inexpensive Phylogenetic data Disadvantages: Low phylogenetic resolution Poor information on microbial function	Advantages: Assessment of entire holobiont Information on functional potential Disadvantages: Large amount of host genetic material can swamp microbial sequences	Advantages: Information on realized function, gene expression, response to changes Disadvantages: Relatively expensive Still a developing field



Pelbagai **Pendekatan Omik Dan Kod bar DNA** boleh digunakan untuk menganalisis **biodiversiti mikrobiom karang** sebagai strategi untuk mengenal pasti **kesihatan terumbu karang**.

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang

A Multimarker Approach to Identify Microbial Bioindicators for Coral Reef Health Monitoring—Case Study in La Réunion Island

Pierre-Louis Stenger^{1,2}  · Aline Tribollet³  · François Guilhaumon⁴  · Pascale Cuet⁵  · Gwenaëlle Pennober⁶  · Philippe Jourand⁴ 

Received: 3 October 2024 / Accepted: 11 January 2025
© The Author(s) 2025

Abstract

The marine microbiome arouses an increasing interest, aimed at better understanding coral reef biodiversity, coral resilience, and identifying bioindicators of ecosystem health. The present study is a microbiome mining of three environmentally contrasted sites along the Hermitage fringing reef of La Réunion Island (Western Indian Ocean). This mining aims to identify bioindicators of reef health to assist managers in preserving the fringing reefs of La Réunion. The watersheds of the fringing reefs are small, steeply sloped, and are impacted by human activities with significant land use changes and hydrological modifications along the coast and up to mid-altitudes. Sediment, seawater, and coral rubble were sampled in austral summer and winter at each site. For each compartment, bacterial, fungal, microalgal, and protist communities were characterized by high throughput DNA sequencing methodology. Results show that the reef microbiome composition varied greatly with seasons and reef compartments, but variations were different among targeted markers. No significant variation among sites was observed. Relevant bioindicators were highlighted per taxonomic groups such as the Firmicutes:Bacteroidota ratio (8.4%:7.0%), the genera *Vibrio* (25.2%) and *Photobacterium* (12.5%) dominating bacteria; the Ascomycota:Basidiomycota ratio (63.1%:36.1%), the genera *Aspergillus* (40.9%) and *Cladosporium* (16.2%) dominating fungi; the genus *Ostreobium* (81.5%) in Chlorophyta taxon for microalgae; and the groups of Dinoflagellata (63.3%) and Diatomea (22.6%) within the protista comprising two dominant genera: *Symbiodinium* (41.7%) and *Pelagodinium* (27.8%). This study highlights that the identified bioindicators, mainly in seawater and sediment reef compartments, could be targeted by reef conservation stakeholders to better monitor La Réunion Island's reef state of health and to improve management plans.

Keywords Microbiome · Bioindicators · Fringing coral reef · La Réunion Island

Objektif

- Untuk mengenal pasti bioindikator mikrob yang boleh digunakan untuk memantau kesihatan terumbu karang.
- Untuk menganalisis komuniti mikrob (bakteria, kulat, alga, protista) daripada tiga petak ekosistem (air laut, sedimen, dan runtuh karang) dalam **Pulau La Réunion**, Lautan Hindi.
- Untuk menggunakan **pendekatan berbilang penanda** (16S, ITS, 18S, tufA) dan **Analisis metabar DNA** untuk pencirian mikrobiom.

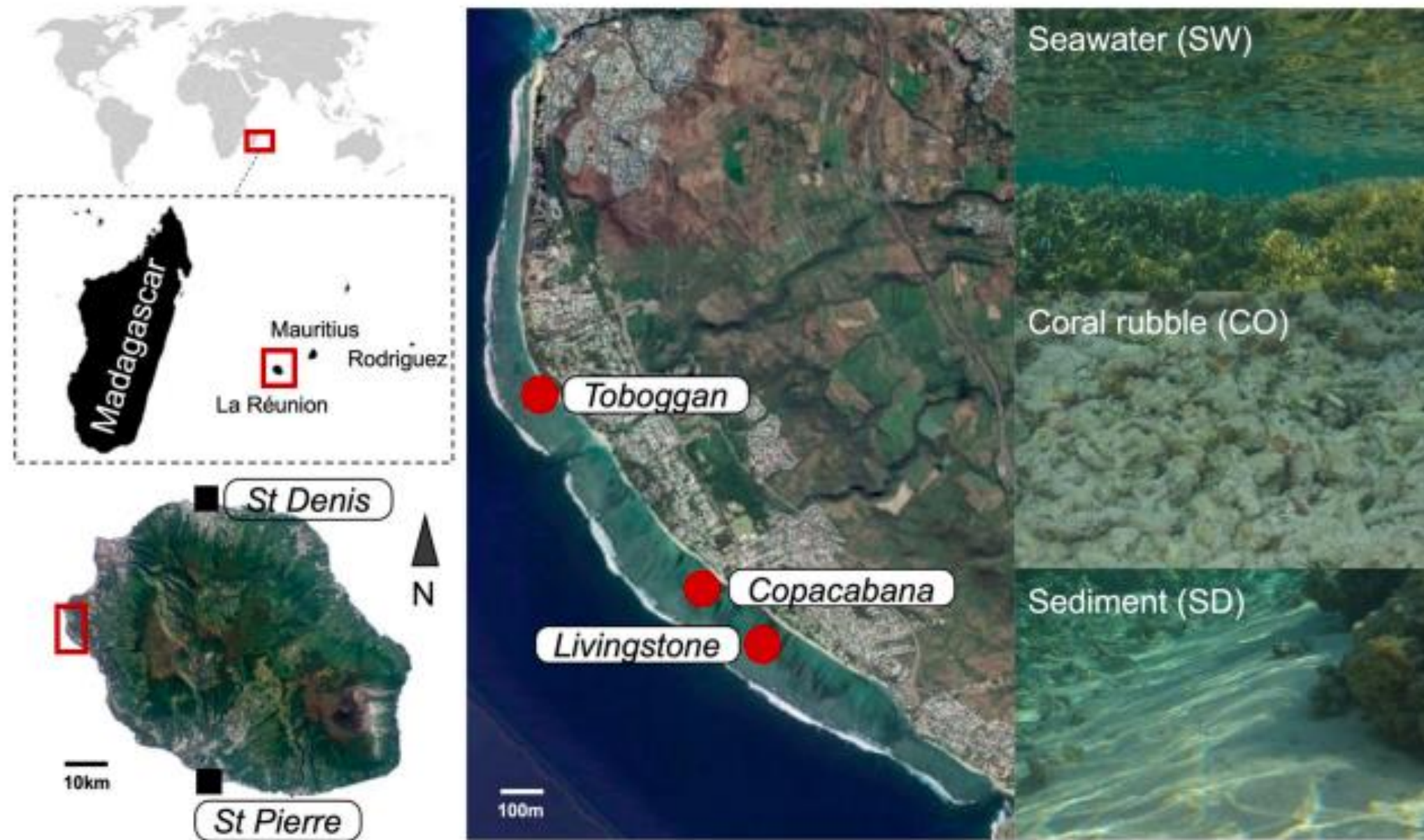
Mikrobiom karang memainkan peranan penting dalam rintangan dan daya tahan karang → berfungsi sebagai **bioindikator** → sensitif terhadap perubahan persekitaran.

- **la tidak terhad kepada bakteria**, tetapi juga termasuk **kulat, alga, dan protista**.



Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang



Kaedah

Sampel dikumpulkan dari tiga tapak (**Toboggan, Copacabana, dan Livingstone**) Selama dua musim (**musim panas dan musim sejuk**).

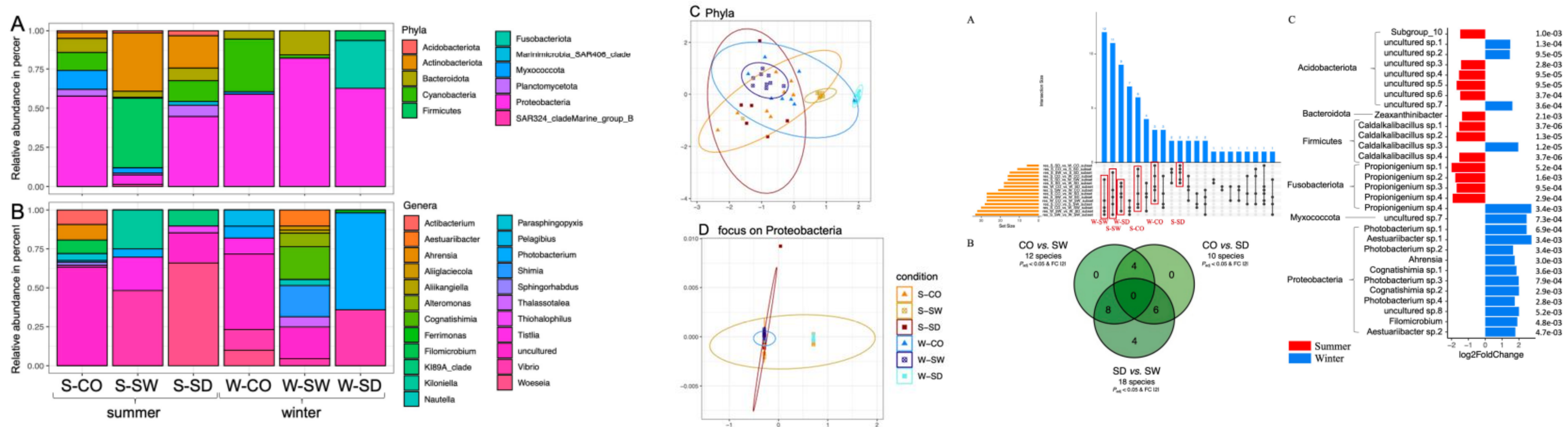
Tiga petak ekosistem telah dianalisis: **air laut, sedimen, dan runtuh karang**.

DNA diekstrak dan dicirikan menggunakan penanda genetik tertentu:

- **16S rRNA** untuk **bakteria**
- **ITS2** untuk **kulat**
- **18S rRNA** untuk **protista**
- **tufA** untuk **mikroalga**

Analisis dilakukan menggunakan **Saluran paip QIIME2** dan **Statistik Bayesian** untuk mengenal pasti **Varian Jujukan Amplicon (ASV)** sebagai penunjuk khusus.

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang

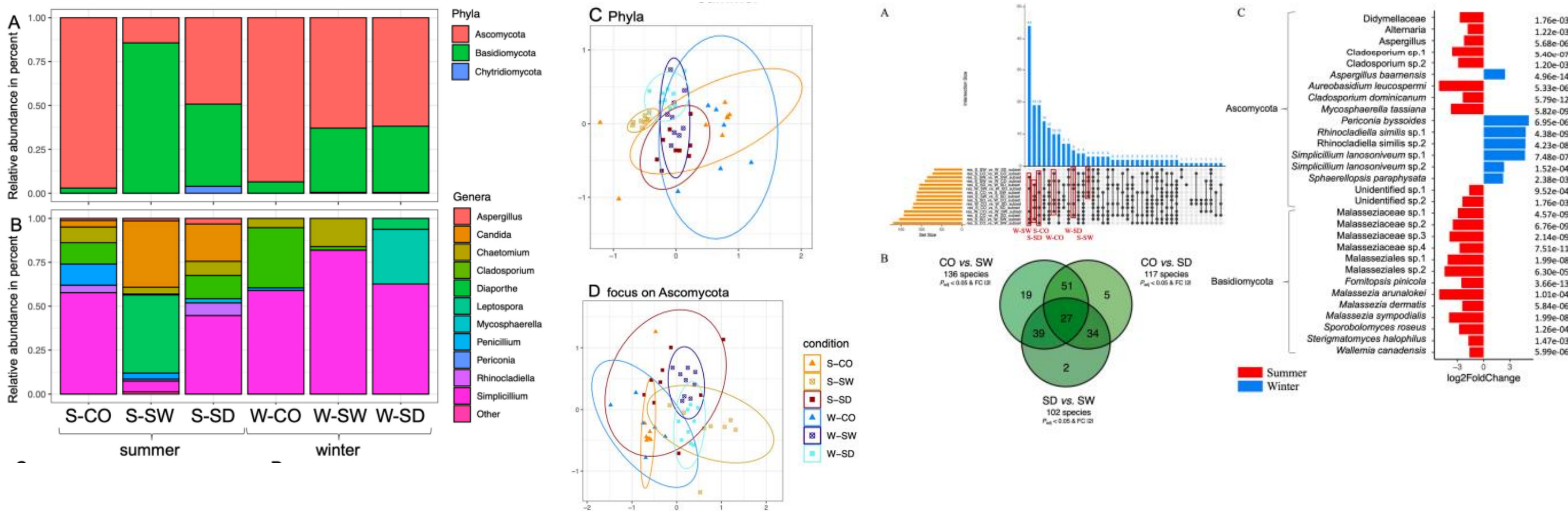


Keputusan

- Komuniti bakteri yang dominan merentasi musim dan petak ialah **Proteobakteria** dan **Cyanobacteria**.
- Pemisahan komuniti mikrob yang jelas antara air laut dan sedimen diperhatikan bergantung pada musim.
- **Bioindikator yang berpotensi** termasuk **Vibrio** and **Fotobakteria**.
- **Nisbah Firmicutes-ke-Bacteroidota** juga boleh berfungsi sebagai penunjuk kesehatan karang.

Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang



Keputusan

ASV kulat merentas musim:

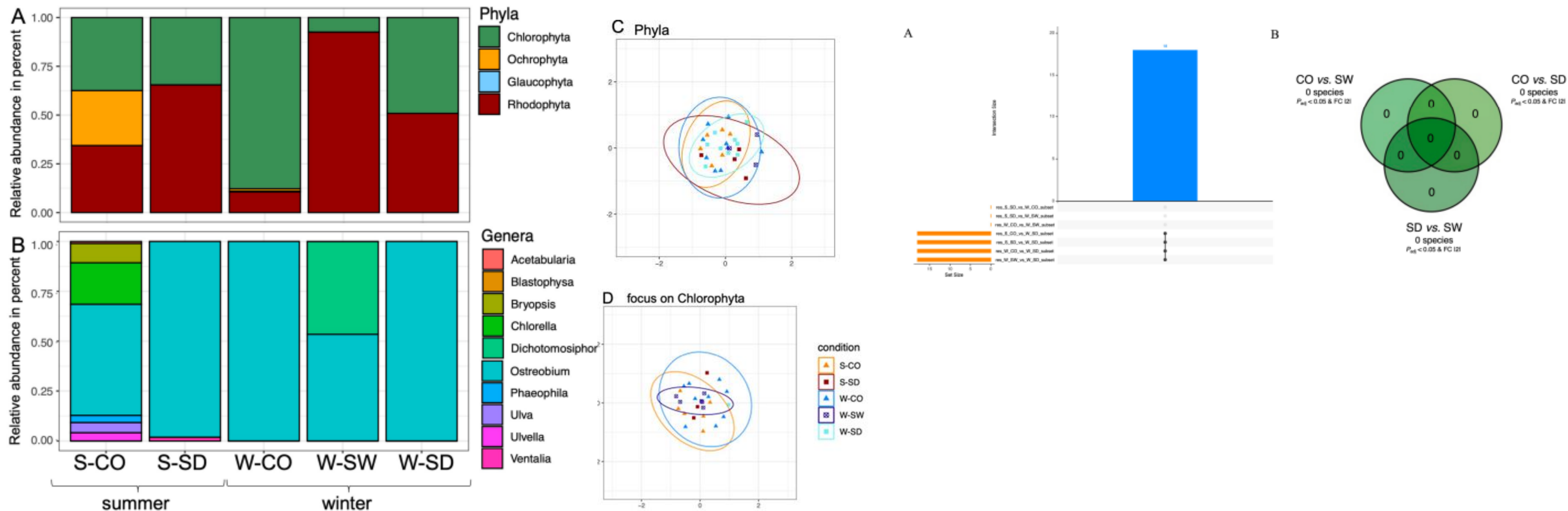
- Musim panas: *Aspergillus*, *Cladosporium*
- Musim sejuk: *Periconia*, *Simplicillium*

Bioindikator yang berpotensi:

Aspergillus, *Cladosporium*, dan Nisbah Ascomycota-ke-Basidiomycota

Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodon Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang



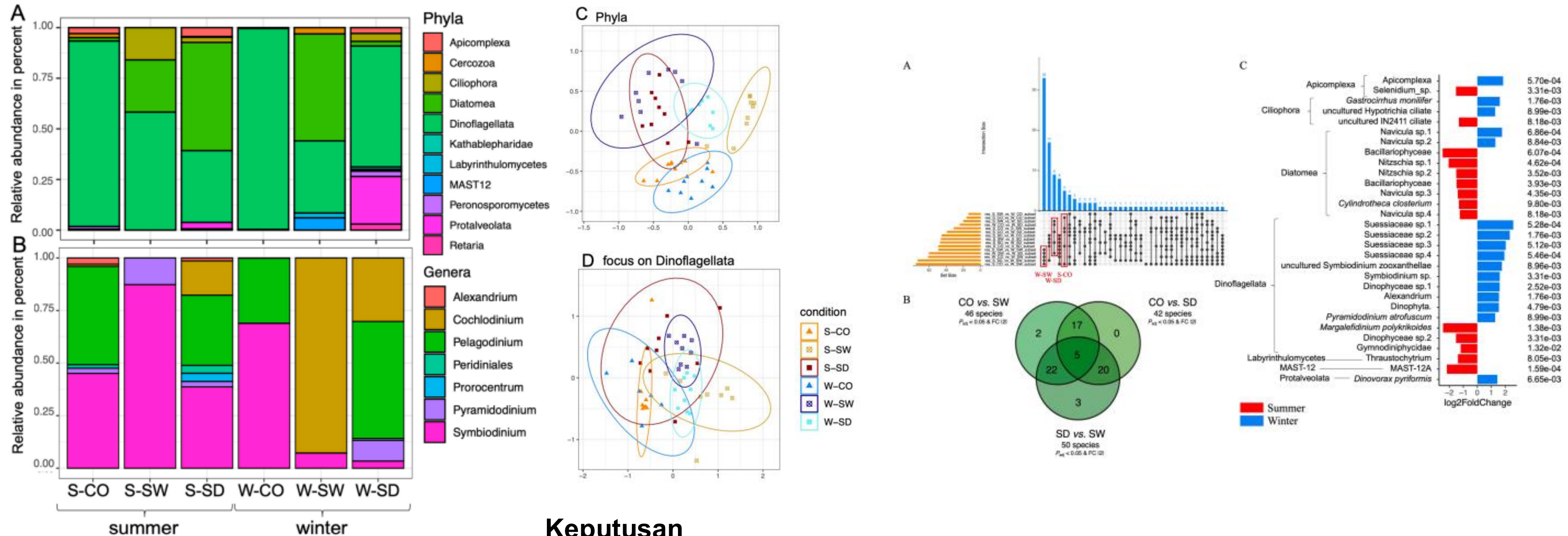
Keputusan

- **Genus dominan:** *Ostreobium*
- Tiada perbezaan ASV yang ketara ditemui merentasi keadaan, petak, atau musim → menunjukkan bahawa **komuniti mikroalga agak stabil** di bawah keadaan yang berbeza-beza.



Aplikasi Pendekatan Omik dan Pengekodaan Bar DNA

Analisis Mikrobiom Karang sebagai Penunjuk Kesehatan Terumbu Karang



Keputusan

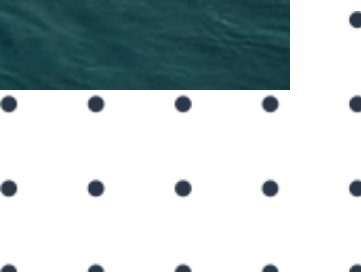
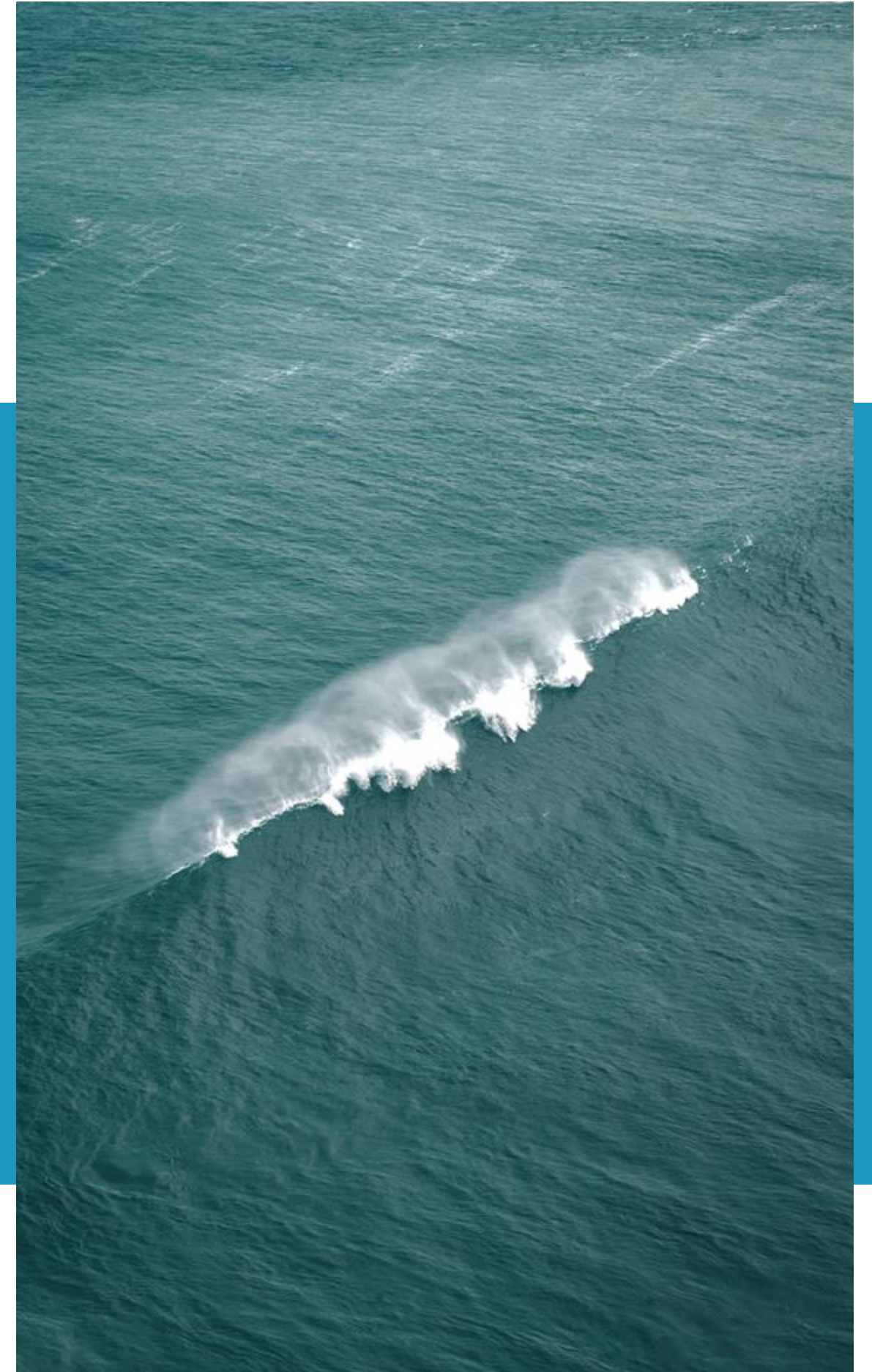
Kumpulan dominan: *Dinoflagellata* — termasuk *Cochlodinium*, *Plagodinium*, dan *Symbiodinium*

• Variasi ASV bermusim:

- Musim panas: *Diatomea*, *Margalefidinium*
- Musim sejuk: *Symbiodinium*, *Pyramidodinium*

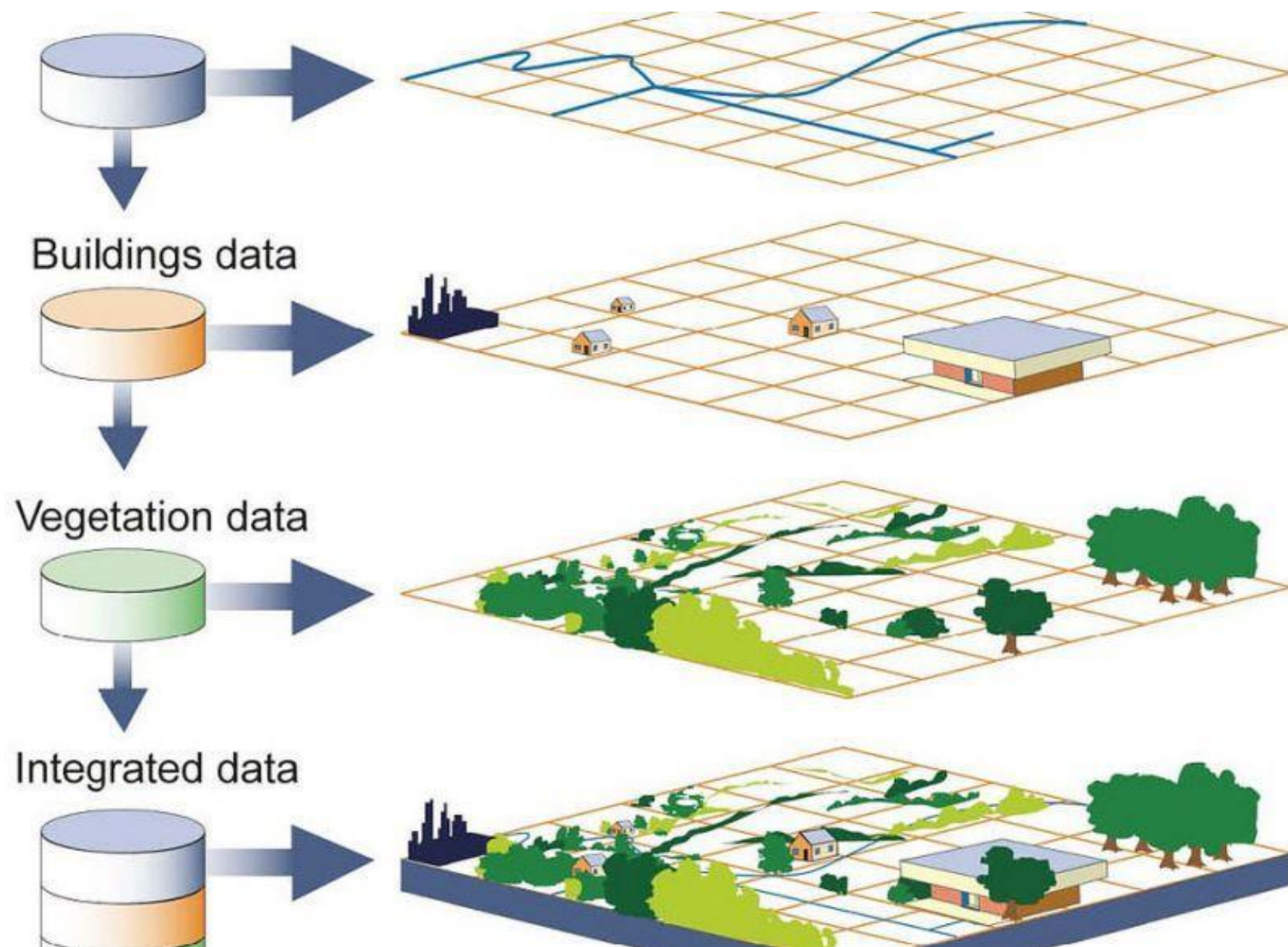
04

Analisis Biodiversiti Integratif berasaskan GIS



Sistem Maklumat Geografi (GIS)

Sistem Geografi



Sistem Maklumat Geografi (GIS) ialah sistem berasaskan komputer yang digunakan untuk menangkap, menyimpan, memeriksa dan memaparkan data yang mempunyai rujukan spatial pada permukaan Bumi, seperti koordinat atau alamat geografi.

Ia membolehkan analisis dan visualisasi corak spatial dan hubungan antara data yang pada mulanya mungkin kelihatan tidak berkaitan.

Data GIS disusun dalam **lapisan**, membolehkan pengguna menggabungkan dan membandingkan pelbagai jenis maklumat—seperti demografi, infrastruktur, tumbuh-tumbuhan atau sungai—pada satu peta interaktif.

Bagaimana GIS Berfungsi

Data input → daripada GPS, imejan satelit, tinjauan atau peta analog digital.

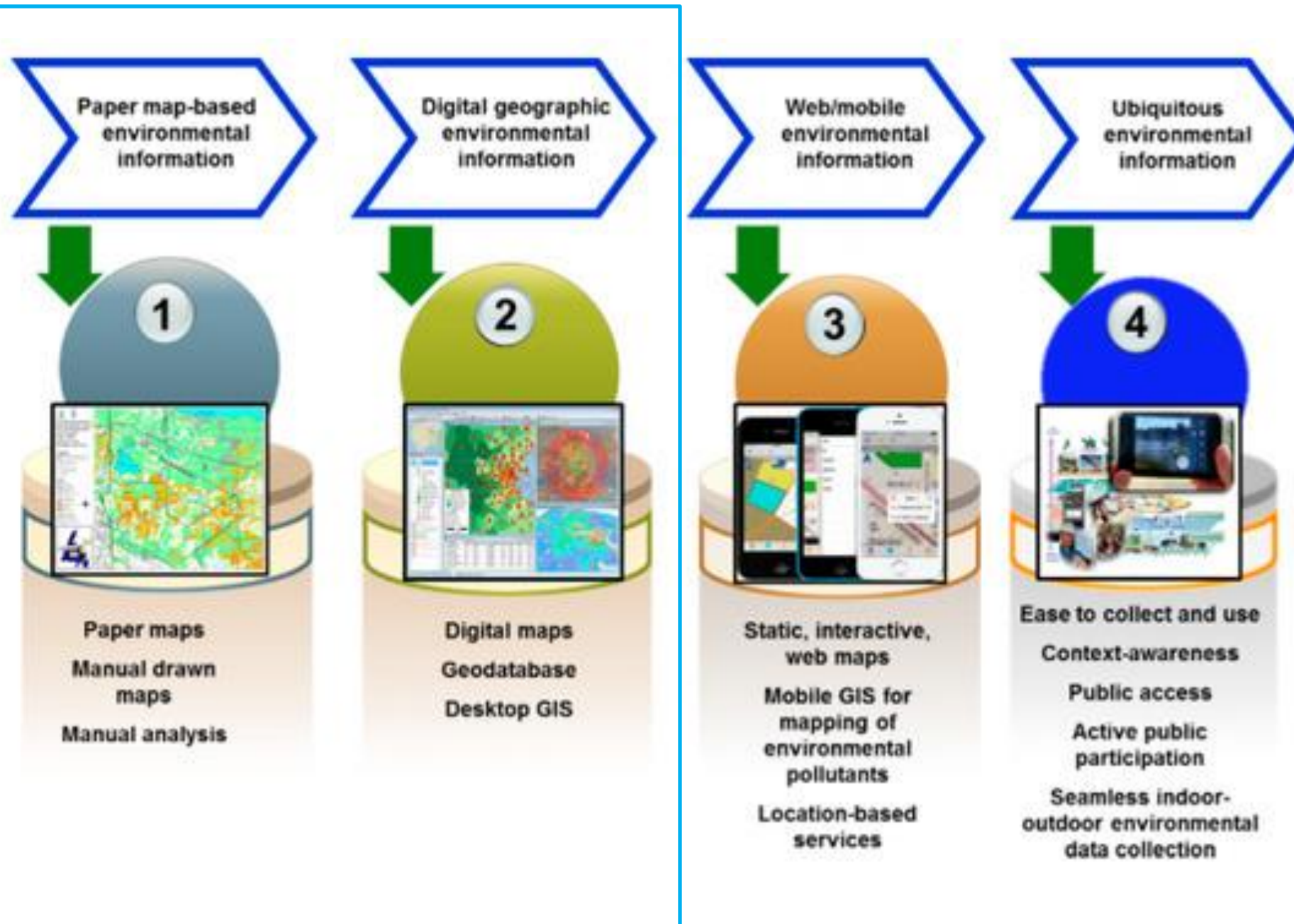
Pengesahan dan penyepaduan → menyemak kualiti data dan memastikan format yang konsisten.

- **Analisis spatial** → mengira jarak, mengesan corak spatial dan mengenal pasti kawasan yang terdedah.
- **Output** → peta interaktif, laporan analisis dan visualisasi berbilang lapisan.



Sistem Maklumat Geografi (GIS)

Evolusi Sistem Geografi



- Peta Berasaskan Kertas

Penggunaan peta fizikal untuk mewakili data alam sekitar.

Had: Tidak dinamik, tidak boleh dikemas kini dengan cepat dan biasanya hanya digunakan oleh pakar.

- GIS Berasaskan Komputer Tempatan

Data persekitaran mula dikumpulkan dan dianalisis menggunakan perisian GIS pada komputer sendiri. Data masih dikumpul oleh institusi rasmi (sumber berwibawa).

Akses kekal terhadap kepada agensi teknikal.

- GIS Berasaskan Web

GIS boleh diakses melalui internet.

Orang awam boleh melihat data, tetapi belum dapat menyumbang.

Akses data bertambah baik, tetapi interaksi masih sehalu (baca sahaja).

- Web Geospatial 2.0 / GIS Penyertaan

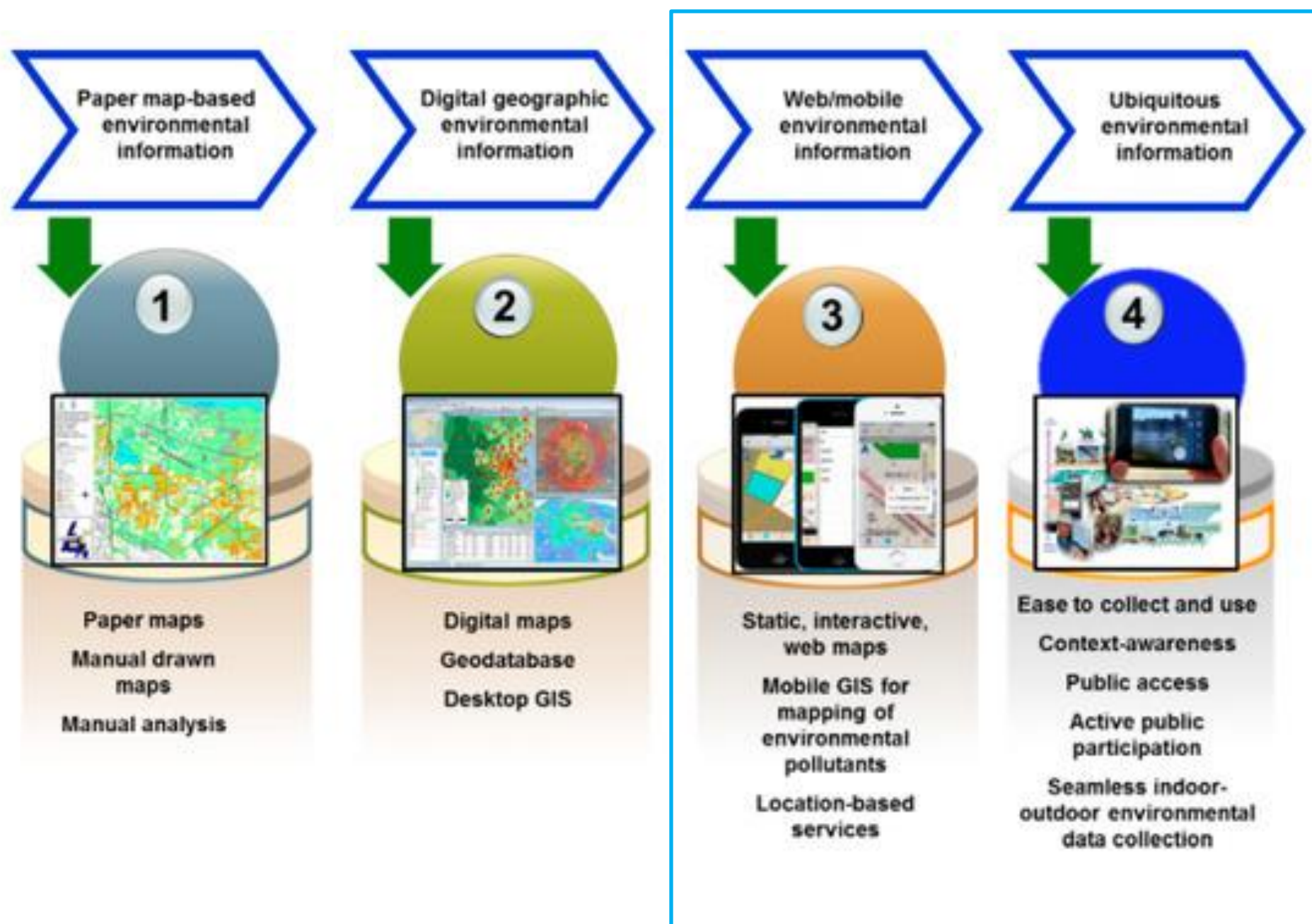
Era Web 2.0 membolehkan interaksi dua hala: orang ramai bukan sahaja melihat tetapi juga menyumbang data (crowdsourcing).

Ini menimbulkan konsep VGI (Maklumat Geografi Sukarela).

GIS menjadi penyertaan dan kolaboratif.



Evolusi Sistem Geografi



GIS mudah alih

Pembangunan telefon pintar yang dilengkapi dengan sensor (GPS, kamera) membolehkan rakyat melaporkan terus dari lokasi acara.

Data adalah masa nyata dan khusus lokasi.

GIS di mana-mana

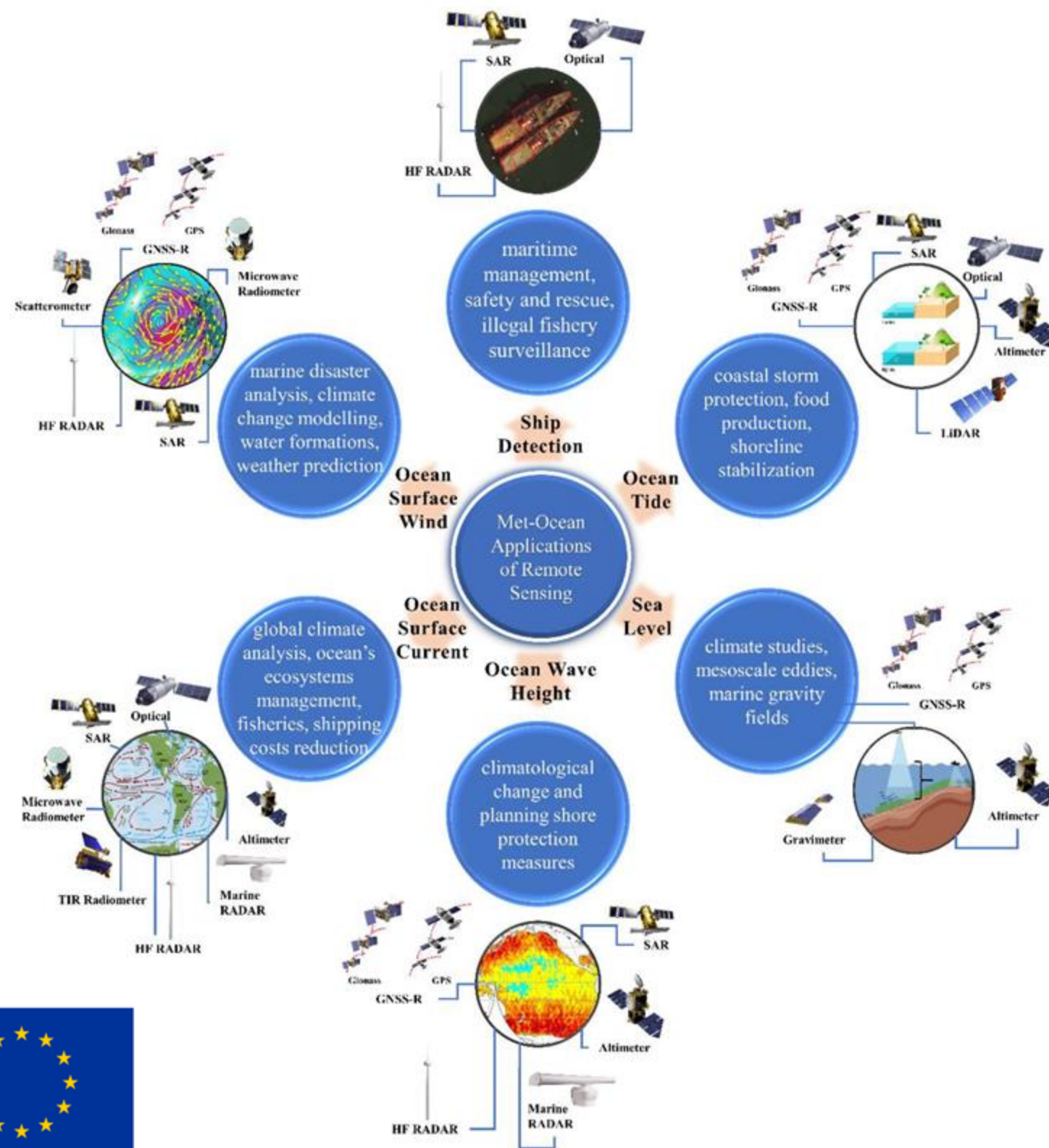
GIS boleh digunakan pada bila-bila masa dan di mana-mana sahaja (di mana-mana).

Teknologi seperti pengkomputeran awan, penderia IoT dan perkhidmatan berasaskan lokasi (LBS) menyokong pemantauan dan pelaporan persekitaran automatik dan berterusan.

Rakyat menjadi sebahagian daripada sistem pemantauan alam sekitar yang teragih dan aktif.



Penderiaan Jauh Lautan



Sistem Penderiaan Jauh dalam Analisis Geografi Marin Sistem Pasif

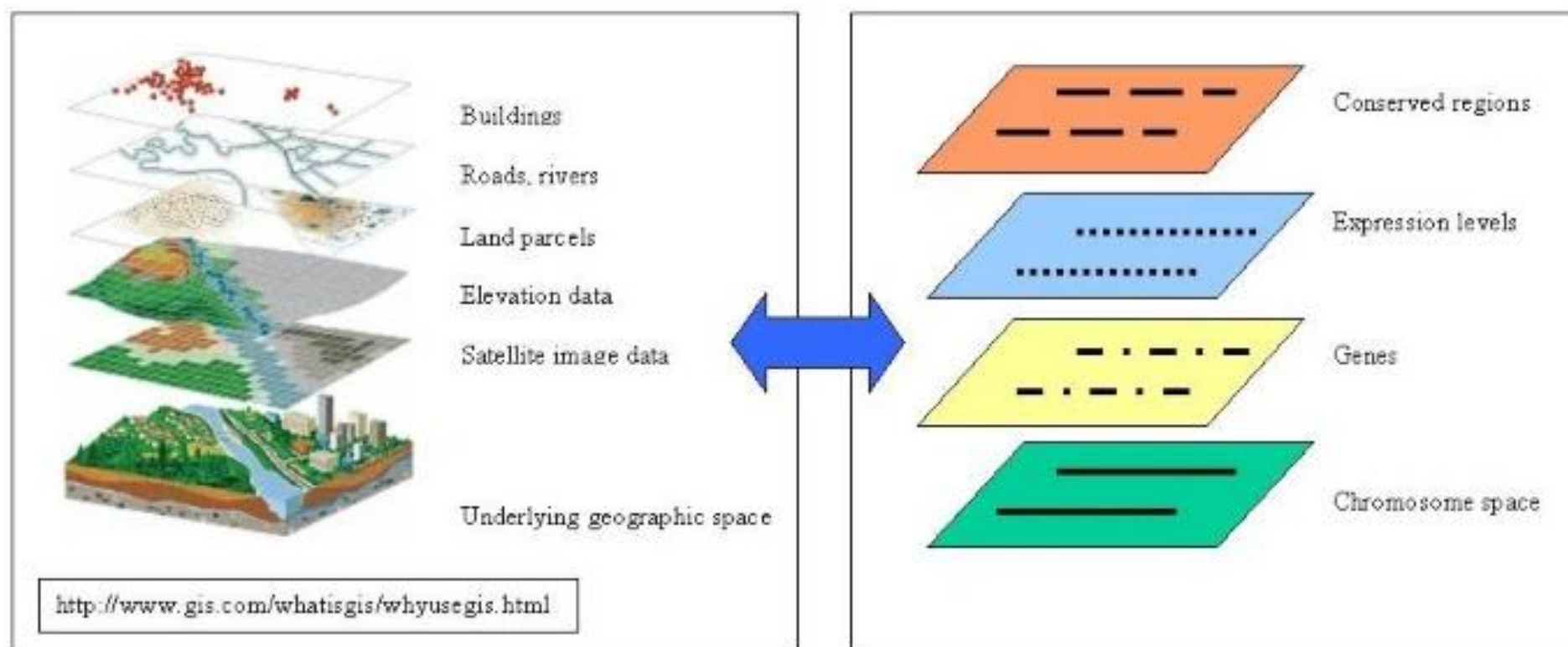
Bergantung pada sumber tenaga semula jadi, seperti cahaya matahari atau sinaran haba dari permukaan bumi.

- Jangan memancarkan isyarat mereka sendiri.
- Hanya boleh beroperasi pada waktu siang.
- Sensitif cuaca.
- Contoh: Penderia optik (Landsat, Sentinel-2), radiometer inframerah terma (TIR), radiometer gelombang mikro.
- Permohonan: Warna lautan, suhu permukaan laut, pemantauan tumbuh-tumbuhan marin dan terumbu karang.

Sistem Aktif

- Jana dan hantar isyarat elektromagnet mereka sendiri, kemudian mengesan isyarat yang dipantulkan daripada objek Bumi.
- Beroperasi siang dan malam, dalam semua keadaan cuaca.
- Sesuai untuk kawasan yang mempunyai litupan awan atau kegelapan.
- Contoh: SAR, LiDAR, Scatterometer, Altimeter, radar HF, SONAR.
- Aplikasi: Pengesanan kapal, pemetaan gelombang lautan dan arus, pemantauan pasang surut dan paras laut, pemetaan dasar laut (batimetri).

Penyepaduan Omik dan GIS



Menggabungkan GIS, Remote Sensing, dan Omics
Omik (cth, metagenomik) mengkaji DNA keseluruhan komuniti mikrob tanpa memerlukan pengasingan atau kultur. Apabila digabungkan dengan data spatial daripada GIS, penyelidik boleh:

- Kenal pasti di mana organisma tertentu berkembang maju.
- Menganalisis cara organisma bertindak balas terhadap perubahan persekitaran (cth, suhu laut, pencemaran, kemasinan).
- Dapatkan pandangan kritikal tentang peranan biodiversiti dalam kitaran biogeokimia, seperti kitaran karbon dan nitrogen.

Aplikasi dalam Pengurusan Sumber Marin

GIS memetakan dan memantau keadaan fizikal habitat marin (cth, terumbu karang, dasar rumput laut, dasar laut), manakala omik menyediakan data biologi yang mendalam (cth, jenis mikrob, aktiviti enzim, potensi patogen). Penyepaduan ini membolehkan:

- Memantau kesihatan ekosistem.
- Perancangan pemuliharaan integratif dipacu data.



Kesimpulan

Penyepaduan omik dan GIS ialah pendekatan moden yang berkuasa untuk:

- Memahami **peranan organisma dalam ekosistem**
- **Mengurus sumber marin secara lestari**
- **Meramalkan kesan perubahan alam sekitar** mengenai kehidupan mikrob—dan sebaliknya
- Pendekatan ini menggabungkan kekuatan **biologi molekul, analisis geospatial**, dan “*artificial intelligence*” untuk menyokong **Sains Alam Sekitar** dan **dasar pemuliharaan**.



Bibliografi

- Pramanik, D., P.M. Shelake, M.J. Kim, et al. 2021. *Molecular Plant* 14:127-150. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.11.002>.
- Gen-Fish. <https://gen-fish.ca/intro-to-omics/>.
- CSNK2A1 Foundation. <https://www.csnk2a1foundation.org/science-snapshot-the-central-dogma-dna-rna-protein>.
- Villao-Uzho, L., T. Chavez-Navarrete, R. Pacheco-Coello, et al. 2023. *Genes* 14(6):1226. <https://doi.org/10.3390/genes14061226>.
- Li, X., C. Zhu, Z. Lin, et al. 2011. *Mol. Biol. Evol.* 28(6):1901-1911. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr011>.
- Kelley, J.L., A.P. Brown, N.O. Therikildsen, et al. 2016. *Nat. Rev. Genet.* 17:523-534. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.66>.
- Jensen, R.A. 2001. *Genome Biol* 2:1002.1. <https://doi.org/10.1186/gb-2001-2-8-interactions1002>.
- David, K.T., J.R. Oaks, K.M. Halanych. 2020. *PeerJ* 8:e8813. <https://doi.org/10.7717/peerj.8813>.
- Encyclopedia MPDI. <https://encyclopedia.pub/entry/52429>.
- Ebeed, H.T. & S.A. Ceasar. 2024. *South African Journal of Botany* 170:38-47. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.05.015>.
- Delsuc, F., H. Brinkmann, H. Philippe. 2005. *Nat. Rev. Genet.* 6:361-375. <https://doi.org/10.1038/nrg1603>.
- Card, D.C., W.B. Jennings, S.V. Edwards. 2023. *Animals* 13(3):471. <https://doi.org/10.3390/ani13030471>.



Bibliografi

- Amorim, A., T. Fernandes, N. Taveira. 2019. *PeerJ* 7:e7314. <https://doi.org/10.7717/peerj.7314>.
- Jones, S.W., A.L. Ball, A.E. Chadwick, et al. 2021. *Front. Genet.* 12:698825. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.698825>.
- Anand, A. & G. Pandi. 2021. *Life* 11(1):49. <https://doi.org/10.3390/life11010049>.
- Dobrogojski, J., M. Adamiec, R. Lucinski. 2020. *Acta Physiologiae Plantarum* 42:98. <https://doi.org/10.1007/s11738-020-03089-x>.
- Chan, C.X. & D. Bhattacharya. 2010. *Nature Education* 3(9):84.
- Allen, J.F. 2015. *PNAS* 112(33):10231-10238. <https://doi.org/10.1073/pnas.1500012112>.
- Adkar-Putushothama, C.R. & J-P. Perreault. 2020. *Int. J. Mol. Sci.* 21:5532.
- Rupeika, E.R., L. D'Huys, V. Leen, et al. *Chem. Biomed. Imaging* 2:784.
- Young, A.D. & J.P. Gillung. 2019. *Systematic Entomology*.
- Ungelenk, M. 2021. *in*: T. Liehr (ed.), Elsevier eBooks, Academic Press, London:87-122.
- Eren, K., N. Taktakoglu, I. Pirim. 2022. *Eurasian J. Med.* 54(Suppl.1):S47-S56.
- Madhumitha, N., P.S. Kumar, D. Manna. 2024. *Chemistry – An Asian Journal* 19(3).
- McGovern, R.A. 2015. Vancouver: University of British Columbia Library.
- Nafea, A.M., Y. Wang, D. Wang, et al. 2024. *Front. Microbiol.* 14:1329330.
- Katara, A., S. Chand, H. Chaudary, et al. 2024. *Journal of Chromatography Open* 5.
- Nolan, K.P., D.Z. Grunspan, E. Myler, et al. 2024. *Genome* 67(8):256-266. <https://doi.org/10.1139/gen-2023-0102>.
- Kodzius, R. & T. Gojobori. 2015. *Marine Genomics* 24:21-30. <https://dx.doi.org/10.1016/j.margen.2015.07.001>.



Bibliografi

- Quince, C., A.W. Walker, J.T. Simpson, et al. 2017. *Nature Biotechnology* **35**(9):833-844. <https://doi.org/10.1038/nbt.3935>.
- Srinivas, M., O. O'Sullivan, P.D. Cotter, et al. 2022. *Foods* 11(20):3297. <https://doi.org/10.3390/foods11203297>.
- Theissinger, K., C. Fernandes, G. Formenti, et al. 2023. *Trends in Genetics* 39(7):545-559. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2023.01.005>.
- Yan, G., Y. Lan, J. Sun, et al. 2022. *iScience* 25:104092. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2022.104092>.
- Keagy, J., C.P. Durmmond, K.J. Gilbert, et al. 2022. *Mol. Ecol. Resour.* 25:e13796. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13796>.
- Li, J., H. Wang, C. Li. 2022. *Front. Maret. Sci.* 9:906267. <https://doi.org/10.3389/fmars.2022.906267>.
- Steinheuer, L.M., S. Canzler, J. Hackermuller. 2021. *bioRxiv* (preprint). <https://doi.org/10.1101/2021.04.02.438193>.
- Ospina, O., A. Soupir, B.L. Fridley. 2023. *in* Fridley, B.L. & X. Wang (eds.). 2023. Springer Nature, London. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2986-4_7.
- Yan, H., X. Ju, A. Huang. 2024. *Int. J. Bio. Sci.* 20(6):2151-2167. <https://doi.org/10.7150/ijbs.92525>.
- Dupree, E.J., M. Jayathirtha, H. Yorkey, et al. 2020. *Proteomes* 8(3):14. <https://doi.org/10.3390/proteomes8030014>.
- Gamage, N.T.G., R. Miyashita, K. Takahashi, et al. 2022. *Proteomes* 10(3):32. <https://doi.org/10.3390/proteomes10030032>.
- Al-Sulaiti, H., J. Almaliti, C.B. Naman, et al. 2023. *Metabolites* 13(8):948. <https://doi.org/10.3390/metabo13080948>.



Bibliografi

- Alseekh, S., A. Aharoni, Y. Brotman, et al. 2021. *Nature Methods* 18:747-756. <https://doi.org/10.1038/s41592-021-01197-1>.
- Coastal Wiki. 2016. https://www.coastalwiki.org/wiki/Marine_Biotechnology.
- Rotter, A., M. Barbier, F. Bertoni. 2021. *Front. Mar. Sci.* 8:629629. <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.629629>.
- Dorado, G., Unver, T., Budak, H. and Hernández, P., 2015. Molecular Markers. In Reference Module in Biomedical Sciences (pp. 1-12).
- Marwal, A. and Gaur, R.K., 2020. Molecular markers: tool for genetic analysis. In Animal biotechnology (pp. 353-372). Academic Press.
- Suriya, J., M. Krishnan, S. Bharathiraja. 2020. in Trivedi, S., H. Rehman, S. Saggu, et al. (eds.). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-50075-7_1.
- Valentini, A., F. Pompanon, P. Taberlet, et al. 2009. *Trends in Ecology & Evolution* 24(2):110-117. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.09.011>.
- Mahadani, P., S. Trivedi, H. Rehman, et al. 2016. in Trivedi, S., H. Rehman, S. Saggu, et al. (eds.). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-41840-7_5.
- Bhadury, P. 2016. in Trivedi, S., H. Rehman, S. Saggu, et al. (eds.). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-41840-7_8.
- Belser, C., J. Poulain, K. Labadie, et al. 2023. *Sci Data* 10:326. <https://doi.org/10.1038/s41597-023-02204-0>.
- Roitman, S., F.J. Pollock, M. Mediana. 2020. in F. Olesiak & O.P. Pajora. (ed.). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/13836_2018_29.
- Stenger, P-L., A. Tribollet, F. Guilhaumon, et al. 2024. *Microbial Ecology* 87:179. <https://doi.org/10.1007/s00248-025-02495-3>.



Bibliografi

- Sadeghi-Niaraki, A., M. Jelokhani-Niarakhi, S-M. Choi. 2020. *Sustainability* 12:6012. <https://doi.org/10.3390/su12156012>.
- National Geographic Education. <https://education.nationalgeographic.org/resource/geographic-information-system-gis/>.
- Amani, M., A. Moghimi, S.M. Mirmazloumi, et al. 2022. *Water* 14:3400. <https://doi.org/10.3390/w14213400>.
- Dolan, M.E., C.C. Holden, M.K. Beard, et al. 2006. *BMC Bioinformatics* 7:416. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-416>.



TERIMA KASIH

Dr. Retno Lestari, M.Si.

 retno.lestari@sci.ui.ac.id



Co-funded by
the European Union

Dibiayai oleh Kesatuan Eropah. Walau bagaimanapun, pandangan dan pendapat yang dinyatakan adalah pandangan pengarang sahaja dan tidak semestinya mencerminkan pandangan Kesatuan Eropah atau Agensi Eksekutif Pendidikan dan Kebudayaan Eropah (EACEA). Kesatuan Eropah mahupun EACEA tidak boleh dipertanggungjawabkan ke atas mereka.

Projek: 101129136 — SustainaBlue — ERASMUS-EDU-2023-CBHE

