

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

PROFIL NUTRISI DAN MIKROBIOMA BIAWAK KALIMANTAN (*Lanthanotus borneensis*) MENGUNAKAN NEXT-GENERATION SEQUENCING

MILSA SOLVA DIANA



PROGRAM STUDI MIKROBIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Perpustakaan IPB University

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Profil Nutrisi dan Mikrobioma Biawak Kalimantan (*Lanthanotus Borneensis*) menggunakan *Next-Generation Sequencing*” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Juli 2024

Milsa Solva Diana
G3501202016

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



RINGKASAN

MILSA SOLVA DIANA. Profil Nutrisi dan Mikrobioma Biawak Kalimantan (*Lanthanotus borneensis*) menggunakan *Next-Generation Sequencing*. Dibimbing oleh ANJA MERYANDINI dan AINISSYA FITRI.

Biawak Kalimantan (*Lanthanotus borneensis*) merupakan salah satu satwa yang dilindungi oleh pemerintah Republik Indonesia. Tahun 2019, *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) menetapkan *L. borneensis* sebagai spesies “*endangered*”. Penurunan populasi pada Biawak Kalimantan menjadi perhatian utama dalam upaya konservasi. Konservasi merupakan salah satu upaya dalam meningkatkan jumlah populasi Biawak Kalimantan. Upaya konservasi ini tidak hanya melibatkan pelestarian habitat alami, namun penangkaran yang efektif dan pemenuhan nutrisi hewan juga menjadi penting juga untuk dilakukan. Pakan yang diberikan kepada hewan dengan nutrisi yang tepat dapat memengaruhi performa, kesehatan dan reproduksi. Pengaruh pakan dalam meningkatkan performa seperti pertambahan bobot badan, meningkatkan kesehatan dan perkembangan satwa dapat diketahui dengan cara mengetahui diversitas komposisi mikrobiota. Mikrobiota didefinisikan sebagai kumpulan organisme yang hidup dan berinteraksi dengan tubuh inang. Sementara itu, mikrobioma mengacu pada materi genetik dari mikrobiota yang berada di lokasi tertentu dalam tubuh, termasuk bakteri, virus, jamur, eukariotik, dan arkaebakteria, yang secara kolektif membentuk mikrobioma usus di saluran pencernaan. Diversitas DNA spesies pada saluran pencernaan biawak yang tinggi membutuhkan pendekatan untuk mengamplifikasi keragaman tersebut. Belum adanya penelitian mengenai profil mikrobioma Biawak Kalimantan dengan pemberian pakan yang berbeda mendasari untuk dilakukannya penelitian ini. Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui profil mikrobioma dari pemberian berbagai macam pakan menggunakan NGS sehingga dapat ditemukan formulasi pakan yang sesuai sebagai upaya konservasi Biawak Kalimantan. Penelitian ini dilakukan dengan tiga jenis pakan yaitu cacing tanah, udang dan ikan. Komposisi kimia pakan dianalisis dengan metode proksimat yang meliputi kadar air, kadar abu, protein kasar, lemak kasar dan serat kasar. Periode perlakuan diawali penimbangan bobot badan awal biawak Kalimantan kemudian pakan diberikan selama 14 hari. Satu hari setelah perlakuan, dilakukan koleksi sampel feses dengan metode *swab* kloaka kemudian bobot badan akhir ditimbang lalu dianalisis secara statistika. Selanjutnya, DNA dari sampel feses diekstraksi, diamplifikasi PCR menggunakan primer 515F dan 806R lalu visualisasi dengan elektroforesis. gDNA disekuensing dengan menggunakan *Next-Generation Sequencing* (NGS) Illumina pada region V4 16S rRNA untuk melihat profil mikrobioma. Hasil menunjukkan bahwa pakan ikan dan udang memiliki komposisi protein serta lemak yang tinggi. Serat kasar dan bahan anorganik paling banyak ditemukan pada cacing. Performa pertambahan bobot badan yang signifikan ditunjukkan oleh perlakuan pakan udang dan ikan ($p \leq 0,05$). Identifikasi 16S rRNA melalui (NGS) di region V4 pada tiga sampel menghasilkan taksonomi bakteri yang dibagi ke dalam 20 filum, 38 kelas, 80 ordo, 155 famili dan 225 genus. Biawak dengan perlakuan cacing dan ikan, pada tingkat filum didominasi oleh Proteobacteria dan *Bakteroidota*, filum *Firmicutes* lebih banyak ditemukan pada perlakuan udang. Komposisi paling melimpah pada tingkat famili paling banyak diisi oleh *Alcaligenaceae* dan *Enterobacteriaceae* namun pada perlakuan udang, *Mycoplasmataceae* lebih dominan. Proporsi jumlah bakteri dari berbagai jenis di tingkat famili pada perlakuan ikan terlihat relatif lebih seimbang dibandingkan cacing dan udang. Famili dari *Weeksellaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Synergistaceae*, *Pseudoamonaceae*, *Commamonadeaceae*, *Vibrionaceae*, *Pseudoalteromonaceae*, dan *Bakteridaceae* terdeteksi bahwa proporsi jumlahnya lebih

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

seimbang dibandingkan pada cacing dan udang, perbandingan proporsi sekitar 2:7:2. Bakteri *Weeksellaceae*, *Aeromonas*, *Pseudomonas* dan *Vibrio* umum ditemukan pada saluran pencernaan hewan laut seperti ikan laut putih dan penyu (Burtseva *et al.* 2021). Pada tingkat genus, mikrobioma biawak dengan pakan cacing didominasi oleh genus *Alcaligenes*, sedangkan pada biawak dengan pakan udang lebih banyak kelimpahan *Mycoplasma* dan genus *Achromobacter* paling tinggi ditemukan pada mikrobioma biawak pakan ikan. Index Shanon, Simpson dan kurva *rarefaction* menunjukkan keragaman bakteri yang paling tinggi terdapat pada perlakuan ikan. Pakan ikan dan udang memiliki keragaman bakteri yang paling tinggi dibandingkan cacing. Hal ini juga memberikan hubungan positif dengan bertambahnya performa bobot badan. Selain itu, komunitas inti mikrobioma antar perlakuan yang ditunjukkan oleh diagram venn membentuk *core system* unik pada daerah tumpeng tindh sedangkan keunikan ragam bakteri pada masing-masing perlakuan ditunjukkan oleh daerah yang tidak bersinggungan. Diagram venn menunjukkan bahwa mikrobioma biawak pakan ikan dan udang memiliki komunitas inti (*core community*) lebih banyak dilihat dari jumlah ASV. ASV pada mikrobioma kadal pakan ikan dan udang sebanyak 60, jumlah ini lebih banyak dibandingkan ASV mikrobioma biawak pakan cacing dan udang yaitu sekitar 35. Sementara itu, ketiga sampel hanya membentuk komunitas inti 29 ASV.

Kata kunci: *endangered*, konservasi, mikrobiota, metagenomik, reptil

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah

b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



SUMMARY

MILSA SOLVA DIANA. Nutrient Profile and Microbiome of Kalimantan Earless Monitor Lizards (*Lanthanotus borneensis*) using Next-Generation Sequencing. Supervised by ANJA MERYANDINI and AINISSYA FITRI.

Kalimantan earless monitor lizard (*Lanthanotus borneensis*) is one of the animals protected by the government of the Republic of Indonesia. In 2019, the International Union for Conservation of Nature (IUCN) designated *L. borneensis* as an "endangered" species. The decline in the population of the Kalimantan monitor lizard is a major concern in conservation efforts. Conservation is one of the efforts to increase the population of Borneo earless monitor lizards. This conservation effort not only involves preserving the natural habitat but also effective breeding and ensuring the animal's nutrition are important to be carried out. Providing animals with appropriate nutritional feed can affect their performance, health, and reproduction. The effect of feed on enhancing performance, such as weight gain, and improving health and animal development, can be understood by studying the diversity of microbiota composition. Microbiota is defined as a collection of organisms that live and interact with the host body. Meanwhile, the microbiome refers to the genetic material of the microbiota that resides in a specific location within the body, including bacteria, viruses, fungi, eukaryotes, and archaea, which collectively form the gut microbiome in the digestive tract. The high DNA species diversity in the digestive tract of the monitor lizard requires an approach to amplify such diversity. The lack of research on the microbiome profile of Kalimantan earless monitor lizards with different feedings underpins the need for this study. This research aims to identify the microbiome profile from the provision of various feeds using NGS (Next-Generation Sequencing) to find the appropriate feed formulation as a conservation effort for the Kalimantan monitor lizard. This study was conducted with three types of feed: earthworms, shrimp, and fish. The chemical composition of the feed was analyzed using the proximate method, which includes moisture content, ash content, crude protein, crude fat, and crude fiber. The treatment period began with the initial weighing of the Kalimantan monitor lizard's body weight, then the feed was administered for 14 days. One day after the treatment, fecal samples were collected using the cloacal swab method, then the final body weight was measured and statistically analyzed. Next, DNA from the fecal samples was extracted, amplified by PCR using 515F and 806R primers, and visualized by electrophoresis. gDNA was sequenced using NGS Illumina on the V4 region of 16S rRNA to view the microbiome profile. The results showed that fish and shrimp feed had high protein and fat composition. Crude fiber and inorganic matter were most found in earthworms. Significant weight gain performance was shown by the shrimp and fish feed treatment ($p \leq 0.05$). Identification of 16S rRNA through NGS in the V4 region on the three samples resulted in bacterial taxonomy divided into 20 phyla, 38 classes, 80 orders, 155 families, and 225 genera. The proportion of the abundance of bacteria from various families in the fish treatment appears relatively more balanced compared to those in worms and shrimp. Families such as *Weeksellaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Synergistaceae*, *Pseudoamonaceae*, *Cyanomonadaceae*, *Vibrionaceae*, *Pseudoalteromonaceae*, and *Bacteridaceae* were detected to have a more balanced proportion compared to those in worms and

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

shrimp, with a ratio of approximately 2:7:2. Monitor lizards with earthworm and fish treatments, at the phylum level, were dominated by *Proteobacteria* and *Bacteroidota*, while the *Firmicutes* phylum was more commonly found in the shrimp treatment. At the genus level, the microbiome of lizards fed with earthworms was dominated by the genus *Alcaligenes*, whereas in lizards fed with shrimp, *Mycoplasma* was more abundant, and the genus *Achromobacter* was most highly found in the microbiome of fish-fed lizards. Index Shanon, Simpson, and rarefaction curves indicated the highest bacterial diversity was found in the fish treatment. Fish and shrimp feed had the highest bacterial diversity compared to earthworms. This also provided a positive relationship with increased body weight performance. Additionally, the core microbiome community among treatments, shown by the Venn diagram, formed a unique core system in the overlapping areas, while the uniqueness of bacterial diversity in each treatment was shown by the non-overlapping areas. The Venn diagram indicated that the microbiome of lizards fed with fish and shrimp had a greater core community (core community) based on the ASV count. The ASV in the microbiome of lizards fed with fish and shrimp was 60, which was higher compared to the ASV in the microbiome of lizards fed with earthworms and shrimp, which was around 35. Meanwhile, the three samples only formed a core community of 29 ASV.

Keywords : endangered, conservation, microbiota, metagenomic, reptile

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 20XX¹
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

**PROFIL NUTRISI DAN MIKROBIOMA BIAWAK
KALIMANTAN (*Lanthanotus borneensis*) MENGGUNAKAN
NEXT-GENERATION SEQUENCING**

MILSA SOLVA DIANA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister pada
Program Studi Mikrobiologi

**PROGRAM STUDI MIKROBIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Judul Tesis : Profil Nutrisi dan Mikrobioma Biawak Kalimantan (*Lanthanotus borneensis*) menggunakan *Next-Generation Sequencing*
Nama : Milsa Solva Diana
NIM : G3501211015

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Dra. Anja Meryandini, MS.



Pembimbing 2:
Dr. Ainissya Fitri, S.Pt., M.Si.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Dra. Anja Meryandini, MS.
NIP 196203271987032001



Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu
Pengetahuan Alam
Dr. Berry Juliandi, S.Si., M.Si.
NIP 197807232007011001



Tanggal Ujian:
10 Juli 2024

Tanggal Lulus:

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah Subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Juni 2023 sampai Februari 2024 ini ialah Ilmu Hewan dan Kesehatan, dengan judul “Profil Nutrisi dan Mikrobioma Biawak Kalimantan (*Lanthanotus borneensis*) menggunakan *Next-Generation Sequencing*”. Tesis ini disusun sebagai syarat untuk melaksanakan penelitian dan memperoleh gelar magister sains di Institut Pertanian Bogor. Terima kasih penulis ucapkan kepada para pembimbing, Prof. Dr. Dra. Anja Meryandini MS. dan Dr. Ainissya Fitri, S.Pt., M.Si yang telah membimbing dan banyak memberi saran. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada Bapak/Ibu dosen Program Studi Mikrobiologi. Selain itu, penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) yang telah mensponsori penelitian ini, Staf dan teknisi Animalium BRIN, Laboratorium Arisex, dan Laboratorium Genomik BRIN yang membantu selama pengumpulan data dan sampel.

Ungkapan terima kasih juga penulis sampaikan kepada orang tua tercinta Ayah dan Umak atas dukungan, doa, dan kasih sayangnya. Tak lupa penulis ucapkan terima kasih kepada teman-teman yang telah memberikan saran, dukungan, doa dan bantuan selama penyusunan tesis penelitian ini. Semoga tesis ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juli 2024

Milsa Solva Diana

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
I PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
1.5 Ruang Lingkup	3
II TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Biawak Kalimantan (<i>Lanthanotus borneensis</i>)	4
2.2 Komposisi Kimia dan Mikrobioma Cacing, Ikan serta Udang	5
2.2 Mikrobioma Saluran Pencernaan pada Biawak	6
2.3 Pengaruh Nutrisi Pakan pada Mikrobioma dan Perubahan Bobot	7
2.4 <i>Next-Generation Sequencing</i>	8
III METODE	
3.1 Kerangka Pemikiran	10
3.2 Waktu dan Tempat Penelitian	10
3.3 Alat dan Bahan	11
3.4 Prosedur Kerja	11
3.4.1 Persiapan Hewan, Kandang, dan Pakan	11
3.4.2 Koleksi Sampel	11
3.4.3 Analisis Kimia Pakan (Proksimat)	12
3.4.4 Analisis Mikrobioma Saluran Pencernaan <i>L. borneensis</i>	13
3.4.5 Analisis Statistika	15
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	
4.1 Karakteristik Nutrien	16
4.2 Perubahan Bobot Badan dan Konsumsi Pakan	16
4.3 Visualisasi Hasil PCR dengan Elektroforesis	18
4.4 Kelimpahan Mikrobioma Biawak Kalimantan	18
4.5 Analisis Keragaman Mikrobioma	24
4.6 Komunitas Inti Mikrobioma	26
V SIMPULAN DAN SARAN	28
5.1 Simpulan	28
5.2 Saran	28
DAFTAR PUSTAKA	29
LAMPIRAN	36
RIWAYAT HIDUP	40

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



DAFTAR TABEL

1	Jenis dan Komposisi pakan pada <i>L. borneensis</i>	11
2	Komposisi reaksi PCR <i>Master Mix</i>	14
3	Kondisi PCR amplifikasi DNA	14
4	Komposisi kimia pakan cacing tanah, udang, dan ikan	16
5	Data performa dan konsumsi pakan <i>Lanthanotus borneensis</i>	17

DAFTAR GAMBAR

1	Peta sebaran <i>Lanthanotus borneensis</i> di Indonesia	4
2	<i>Lanthanotus borneensis</i>	5
3	Diagram Alir	10
4	Visualisasi hasil produk PCR	18
5	<i>Distribusi kelimpahan bakteri pada mikrobioma</i> tingkat filum dan kelas	19
6	<i>Heatmap</i> perbandingan kelimpahan mikrobioma tingkat famili dan genus	21
7	Kelimpahan bakteri pada tingkat genus pada setiap perlakuan	24
8	Nilai indeks keragaman bakteri	25
9	Kurva <i>rarefaction</i>	26
10	Diagram Venn	26

DAFTAR LAMPIRAN

1	Data primer komponen analisis proksimat	40
2	Data primer komponen analisis proksimat	40
3	Kelimpahan mikrobioma biawak Kalimantan pada 10 filum teratas pada perlakuan pakan cacing, ikan, dan udang	41
4	Kelimpahan mikrobioma biawak Kalimantan pada 10 genus teratas pada perlakuan pakan cacing, ikan, dan udang	41
5	Kelimpahan mikrobioma biawak Kalimantan pada 10 kelas teratas pada perlakuan pakan cacing, ikan, dan udang	41