

**PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK MENGGUNAKAN
PENANDA MAT-K SECARA *IN SILICO* UNTUK MENDETEKSI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA**

SKRIPSI

diajukan untuk memenuhi syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains
Program Studi Biologi



Oleh:

Hanina Dzikrina

1800661

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
DEPARTEMEN PENDIDIKAN BIOLOGI
FAKULTAS PENDIDIKAN MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS PENDIDIKAN INDONESIA**

2022

Hanina Dzikrina, 2022

*PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK MENGGUNAKAN PENANDA MAT-K SECARA IN SILICO
UNTUK MENDETEKSI KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA*

Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu

**PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK MENGGUNAKAN
PENANDA MAT-K SECARA *IN SILICO* UNTUK MENDETEKSI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA**

Oleh
Hanina Dzikrina

Sebuah skripsi yang diajukan untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar
Sarjana pada Fakultas Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

© Hanina Dzikrina 2022

Universitas Pendidikan Indonesia

2022

Hak Cipta dilindungi undang-undang

Skripsi ini tidak boleh diperbanyak seluruhnya atau Sebagian, dengan dicetak
ulang, difoto kopi, atau cara lainnya tanpa izin dari penulis

LEMBAR PENGESAHAN

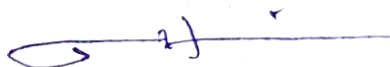
PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK MENGGUNAKAN
PENANDA *mat-K* SECARA *IN SILICO* UNTUK MENDETEKSI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA

Oleh:

Hanina Dzikrina

DISETUJUI DAN DISAHKAN OLEH:

Pembimbing I,



Prof. Topik Hidayat, M.Si., Ph.D.

NIP. 197004101997021001

Pembimbing II,

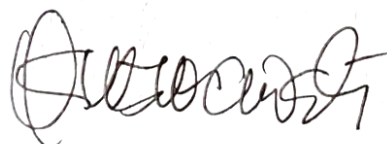


Dr. Hj. Siti Sriyati, M.Si.

NIP. 196409281989012001

Mengetahui,

Ketua Program Studi Biologi,



Dr. Hj. Diah Kusumawaty, M.Si.

NIP. 197008112001122001

PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “**Pengembangan Primer Diagnostik Menggunakan Penanda mat-K secara *In Silico* untuk Mendeteksi Kelangkaan Jenis Tumbuhan Di Indonesia**” ini beserta seluruh isinya adalah benar benar karya saya sendiri. Saya tidak melakukan penjiplakan atau pengutipan dengan cara-cara yang tidak sesuai dengan etika ilmu yang berlaku dalam masyarakat keilmuan. Atas pernyataan ini saya siap menanggung resiko/sanksi apabila di kemudian hari ditemukan adanya pelanggaran etika keilmuan ataupun klaim dari pihak lain terhadap keaslian karya saya ini.

Bandung, 2022

Hanina Dzikrina
NIM. 1800661

KATA PENGANTAR

Puji dan syukur penulis ucapkan keharidat Allah SWT. yang telah memberikan nikmat dan banyak kemudahan sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “**Pengembangan Primer Diagnostik Menggunakan Penanda mat-K secara *In Silico* untuk Mendeteksi Kelangkaan Jenis Tumbuhan Di Indonesia**”. Tujuan dari penulisan skripsi ini adalah sebagai salah satu syarat untuk menyelesaikan studi dan juga mendapatkan gelar Sarjana di Universitas Pendidikan Indonesia.

Penulis menyadari bahwa dalam penulisan karya ilmiah ini, masih banyak sekali kekurangan yang masih jauh dari kata sempurna. Penulis sangat mengharapkan saran dan kritik yang membangun dari semua pihak untuk menyempurnakan karya ilmiah ini. Penulis berharap bahwa semoga karya ilmiah ini dapat bermanfaat bagi para pembaca dan dapat dijadikan sebagai informasi untuk penelitian-penelitian selanjutnya. Akhir katam penulis mengucapkan terimakasih kepada seluruh pihak yang telah membantu dan mendukung dalam penyusunan skripsi ini.

Bandung, 2022

Hanina Dzikrina
NIM. 1800661

UCAPAN TERIMA KASIH

Segala puji bagi Allah SWT. yang telah memberikan nikmat dan kemudahan kepada penulis sebagai hamba-Nya, atas karunia dan kehendak-Nya penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan judul **“Pengembangan Primer Diagnostik Menggunakan Penanda mat-K secara *In Silico* untuk Mendeteksi Kelangkaan Jenis Tumbuhan Di Indonesia”**. Shalawat serta salam semoga selalu tercurah limpahkan kepada manusia terbaik sepanjang masa, Nabi Muhammad SAW yang membawa manusia dari zaman kebodohan hingga ke zaman yang terang benderang. Semoga kita semua termasuk ke dalam ummat yang akan mendapatkan syafaatnya di akhirat kelak, Aamiin.

Dengan selesainya penyusunan skripsi ini, penulis mengucapkan terima kasih kepada seluruh pihak yang telah membantu, memotivasi, dan mendoakan penulis selama ini, khususnya kedua orang tua atas kasih sayang, bimbingan, nasihat, dan segalanya sejak awal perkuliahan hingga akhir penyusunan skripsi ini. Penyusunan skripsi ini tidak luput dari bantuan dan bimbingan dari berbagai pihak, dengan ini penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. Prof. Topik Hidayat, M.Si., Ph.D., selaku Dosen Pembimbing I atas segala bantuan, bimbingan, nasihat, do'a, semangat, dan ilmu yang telah diberikan kepada penulis selama masa perkuliahan hingga akhir dari penyusunan skripsi dan berhasil menyelesaikan skripsi ini.
2. Dr. Hj. Siti Sriyati, M.Si., selaku Dosen Pembimbing II atas segala bantuan, bimbingan, nasihat, do'a, semangat, dan ilmu yang telah diberikan kepada penulis selama masa perkuliahan hingga akhir dari penyusunan skripsi dan berhasil menyelesaikan skripsi ini.
3. Dr. Bambang Supriatno, M.Si., selaku Ketua Departemen Pendidikan Biologi FPMIPA UPI atas segala bantuan serta ilmu yang telah diberikan selama masa perkuliahan.
4. Dr. Hj. Diah Kusumawaty, M.Si., selaku Dosen Pembimbing Akademik dan Ketua Program Studi Biologi FPMIPA UPI atas segala bantuan, bimbingan, nasihat, dukungan, do'a, semangat, serta ilmu yang telah diberikan selama masa perkuliahan.

5. Seluruh dosen Departemen Pendidikan Biologi FPMIPA UPI yang senantiasa memberikan ilmu dan bimbingannya untuk penulis selama menjadi mahasiswa.
6. Seluruh Staff Tata Usaha Departemen Pendidikan Biologi dan laboran FPMIPA UPI yang telah banyak memberikan bantuan, bimbingan, dan menyelesaikan administrasi penulis selama menjadi mahasiswa.
7. Keluarga tercinta, Umi, Mba Hasna, Mba Farah, dan Mas Mufti yang senantiasa memberikan do'a, semangat, dukungan, dan kasih sayang untuk penulis sehingga bisa kuat dan dapat menyelesaikan skripsi ini tepat waktu.
8. Rekan seperjuangan, Dea Amalia dan Dennisa Ameria atas semangat, bantuan, dukungan, serta canda tawa yang telah dilalui bersama dalam menyelesaikan skripsi ini.
9. Lulu, Ulaya, Diah, Dilla, Pucan, Fira, Shintya, Ria yang selalu ada untuk penulis dan selalu mendukung satu sama lain dalam menyelesaikan tugas akhir maupun tugas semasa kuliah dan lainnya.
10. Teman-teman Biologi C 2018 yang saling membantu, mendukung, susah senang selama kuliah, dan memberikan kenangan indah bagi penulis.
11. Seluruh pihak yang tidak dapat disebutkan satu-persatu, terima kasih sudah membantu, mendukung, memberi semangat dan do'a sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi ini dengan baik.

Semoga Allah SWT. senantiasa memberikan kebaikan yang melimpah sebagai balasan atas kebaikannya yang telah diberikan. Semoga skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi semua pihak yang membutuhkan.

Bandung, Juni 2022

Hanina Dzikrina

**PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK MENGGUNAKAN
PENANDA MAT-K SECARA *IN SILICO* UNTUK MENDETEKSI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA**

ABSTRAK

Indonesia merupakan negara dengan kekayaan biodiversitas tertinggi di dunia. Terdapat sekitar 40.000 jenis tumbuhan yang tumbuh di Indonesia dan sebagian besar tumbuhan sudah menunjukkan kelangkaan. Penentuan kelangkaan suatu jenis tumbuhan dapat diketahui berdasarkan distribusi populasinya, namun membutuhkan waktu yang cukup lama. Ketidakstabilan genom akan terjadi pada jenis tumbuhan langka karena tidak mampu beradaptasi pada ekosistem. Banyaknya tumbuhan yang terancam punah dan habitat asli yang rusak maka mengharuskan para peneliti untuk mengetahui keberadaan dan melakukan pendataan terhadap keragaman jenis tumbuhan di Indonesia secara cepat. DNA *barcoding* merupakan teknik yang dikembangkan untuk mempercepat dan mempermudah proses identifikasi organisme dengan menggunakan potongan DNA tertentu. Tujuan dari penelitian ini adalah mendapatkan primer untuk mendeteksi tumbuhan langka atau tidak menggunakan penanda mat-K secara *in silico*. Gen mat-K merupakan penanda umum yang direkomendasikan untuk analisis pada tumbuhan. Metode yang digunakan yaitu dengan pendekatan secara *in silico* karena waktu yang diperlukan relatif lebih singkat dan murah. Penelitian ini berhasil mendapatkan pasangan primer *forward* 1:F_1635-1657 dan primer *reverse* 1:R_2093-2113 dengan persentase keberhasilan amplifikasi yang dicapai sebesar 66%. Ke depannya, primer ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi tumbuhan langka atau tidaknya di lapangan dan di laboratorium.

Kata kunci: DNA barcode, Desain primer, mat-K, Tumbuhan langka.

**DEVELOPMENT OF PRIMARY DIAGNOSTICS USING MAT-K
MARKERS IN SILICO TO DETECT CRACKS OF PLANTS IN
INDONESIA**

ABSTRACT

Indonesia is a country with the highest biodiversity in the world. There are about 40,000 species of plants that grow in Indonesia and most of the plants have shown rarity. Determining the rarity of a plant species can be known based on its population distribution, but it takes a long time. Genome instability will occur in rare plant species because they are unable to adapt to the ecosystem. The number of endangered plants and damaged natural habitats requires researchers to quickly identify the existence and collect data on the diversity of plant species in Indonesia. DNA barcoding is a technique developed to speed up and simplify the process of identifying organisms using certain pieces of DNA. The purpose of this study was to obtain primers for detecting rare plants or not using mat-K markers in silico. The mat-K gene is a general marker recommended for analysis in plants. The method used is an in silico approach because the time required is relatively shorter and cheaper. This study succeeded in obtaining a pair of primers forward 1:F_1635-1657 and reverse primer 1:R_2093-2113 with the percentage of amplification success achieved was 66%. In the future, this primer can be used to identify if the plants are rare or not in the field and in the laboratory.

Keywords: DNA barcode, Primer design, mat-K, Rare plants.

DAFTAR ISI

LEMBAR PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN.....	iii
KATA PENGANTAR	iv
UCAPAN TERIMA KASIH.....	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	viii
DAFTAR ISI.....	ix
DAFTAR TABEL.....	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN.....	xiii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	4
1.3 Pertanyaan Penelitian	4
1.4 Batasan Masalah.....	4
1.5 Tujuan Penelitian.....	5
1.6 Manfaat Penelitian.....	5
1.7 Struktur Organisasi.....	5
BAB II KAJIAN PUSTAKA	7
2.1 Keanekaragaman Hayati.....	7
2.2 Tumbuhan Langka dan Kelangkaan.....	11
2.3 Stabilitas Genom	16
2.4 DNA <i>Barcode</i>	18
2.5 Penanda mat-K (maturase-K).....	22
2.6 Bioinformatika	25
2.7 Studi <i>In Silico</i>	28
BAB III METODE PENELITIAN.....	33
3.1 Jenis Penelitian.....	33
3.2 Waktu dan Lokasi Penelitian.....	33
3.3 Alat dan Bahan	33
3.4 Prosedur Penelitian.....	34

3.5 Alur Penelitian.....	44
BAB IV TEMUAN DAN PEMBAHASAN	45
4.1 Temuan	45
4.2 Pembahasan	54
BAB V SIMPULAN, IMPLIKASI, DAN REKOMENDASI	61
5.1 Simpulan.....	61
5.2 Implikasi.....	61
5.3 Rekomendasi	61
DAFTAR PUSTAKA	62
DAFTAR PUSTAKA GAMBAR.....	71
LAMPIRAN.....	72

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Alat yang digunakan	33
Tabel 3.2 Bahan yang digunakan	33
Tabel 3.3 <i>Database</i> GenBank Tumbuhan Langka	34
Tabel 4.1 20 Kandidat Primer <i>Forward</i> dan Primer <i>Reverse</i> Tumbuhan Langka.....	47
Tabel 4.2 Uji Coba Pasangan Primer Tumbuhan Langka.....	48
Tabel 4.3 Pasangan Primer Tumbuhan Langka	49
Tabel 4.4 Hasil Uji Efektivitas Tumbuhan Langka Berdasarkan Penanda mat-K.....	50
Tabel 4.5 Hasil Uji Efektivitas Tumbuhan Non Langka Berdasarkan Penanda mat-K.....	54
Tabel 4.6 Kode Nukleotida IUPAC	55
Tabel 4.7 Kriteria Standar Desain Primer	56
Tabel 4.8 Kandidat Primer Tumbuhan Langka.....	73
Tabel 4.9 Hasil <i>in silico</i> PCR kandidate primer dan sampel spesies tumbuhan langka urutan 1-10; (v) Terdapat <i>amplicon</i>	80
Tabel 4.10 Hasil <i>in silico</i> PCR kandidate primer dan sampel spesies tumbuhan langka urutan 11-20; (v) Terdapat <i>amplicon</i>	81
Tabel 4.11 Hasil <i>in silico</i> PCR kandidate primer dan sampel spesies tumbuhan langka urutan 21-30; (v) Terdapat <i>amplicon</i>	82
Tabel 4.12 Hasil <i>in silico</i> PCR kandidate primer dan sampel spesies tumbuhan langka urutan 31-40; (v) Terdapat <i>amplicon</i>	83
Tabel 4.13 Hasil <i>in silico</i> PCR kandidate primer dan sampel spesies tumbuhan langka urutan 41-50; (v) Terdapat <i>amplicon</i>	84

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Struktur Kloroplas	23
Gambar 2.2 Gen mat-K	25
Gambar 3.1 Laman GenBank NCBI	36
Gambar 3.2 Informasi Data <i>Anisoptera laevis</i> Berdasarkan Penanda mat-K ..	36
Gambar 3.3 Sekuen DNA dalam Bentuk FASTA Format	37
Gambar 3.4 Penyusunan FASTA Format pada Program NotePad	37
Gambar 3.5 Program ClustalX	38
Gambar 3.6 Program BioEdit	39
Gambar 3.7 Konsensus Sekuen DNA	39
Gambar 3.8 Program FastPCR	40
Gambar 3.9 Pemasukan Konsensus Sekuen DNA dan Proses <i>Running</i> pada Program FastPCR	40
Gambar 3.10 Kandidat Primer yang Diperoleh	41
Gambar 3.11 Pemasukan Sekuen DNA	41
Gambar 3.12 Pemasukan Salah Satu Kandidat Primer	42
Gambar 3.13 Hasil <i>Running In Silico</i> PCR	42
Gambar 3.14 Uji Efektivitas	43
Gambar 3.15 Alur Penelitian	44
Gambar 4.1 Sekuen Konsensus DNA pada Program BioEdit	45
Gambar 4.2 <i>Single Letter Code</i> digantikan dengan Kode IUPAC	46
Gambar 4.3 Sekuen Konsensus DNA	46
Gambar 4.4 Kandidat Primer pada Program FastPCR	47
Gambar 4.5 Contoh Hasil <i>In Silico</i> PCR yang Berhasil ditandai dengan Adanya <i>Amplicon</i>	49
Gambar 4.6 Contoh Hasil <i>In Silico</i> PCR yang Gagal ditandai dengan Tidak Adanya <i>Amplicon</i>	50
Gambar 4.7 Konsensus Sekuen DNA	72

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Konsensus Sekuen pada Program BioEdit	72
Lampiran 2. 251 Kandidat Primer Tumbuhan Langka	73
Lampiran 3. Hasil <i>In Silico</i> PCR.....	80

DAFTAR PUSTAKA

- Abidin, D. Z., Purnomo, & Pradhana, C. (2020). *Keanekaragaman Hayati Sebagai Komunitas: Berbasis Autentitas Kawasan*.
- Aguilera, A., & García-Muse, T. (2013). Causes of genome instability. *Annual Review of Genetics*, 47(July), 1–32. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-111212-133232>
- Aninta, S. G. (2019). *Mengapa satwa langka rentan punah? Begini kata genetika*. <https://theconversation.com/mengapa-satwa-langka-rentan-punah-begini-kata-genetika-129145>
- Arifin, Z. (2021). *Pembelajaran 8 : Keanekaragaman Hayati*. 183–198.
- Avivi, S., Restanto, D. P., Hadi, A. F., & Dkk. (2000). *Bioinformatika dan Biostatistika: Manfaatnya dalam Penelitian Bioteknologi*.
- Bagali, P. G., Prabhu, A. H., Raghavendra, K., Bagali, P. G., Hittalmani, S., & Vadivelu, J. S. (2010). Application of molecular markers in plant tissue culture. *Asia-Pacific Journal of Molecular Biology and Biotechnology*, 18(1), 83–85.
- Barahima. (2006). *Keragaman Genetik Tanaman Sagu di Indonesia Berdasarkan Penanda Molekuler Genom Kloroplas dan Genom Inti*.
- Barthet, M. M. (2006). *Expression and Function of the Chloroplast-encoded Gene matK*. 1–202.
- Basith, A. (2015). Peluang gen rbcL sebagai DNA barcode berbasis DNA kloroplas untuk mengungkap keanekaragaman genetik padi beras hitam (*Oryza sativa* L.) lokal Indonesia Chances of the rbcL gene as DNA barcode based on chloroplast DNA to uncover the genetik diversity of loc. *Seminar Nasional XII Pendidikan Biologi FKIP UNS*, 938–941.
- Borah, P. (2011). Primer designing for PCR. *Science Vision*, 11(3), 134–136.
- CBOL. (2009). A DNA barcode for land plants. Supporting Information. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(31), 12794–12797. <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2722355&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>
- Darajati, W., Pratiwi, S., Herwinda, E., Radiansyah, A. D., Nalang, V. S., Nooryanto, B., Rahajoe, J. S., Ubaidillah, R., Maryanto, I., Kurniawan, R., Prasetyo, T. A., Rahim, A., Jefferson, J., & Hakim, F. (2016). *Indonesia Biodiversity Startegy and Action Plan (IBSAP) 2012-2020*.

- Diana, S., Wulan, A. R., & Anggraeni, S. (2019). *Literasi Tumbuhan Langka Mahasiswa Pendidikan Biologi Sebagai Hasil Tugas Mini Riset Perkuliahan Biologi Tumbuhan*. 11(1).
- Dona, R., Frimayanti, N., Ikhtiarudin, I., Iskandar, B., Maulana, F., & Silalahi, N. T. (2019). Studi In Silico, Sintesis, dan Uji Sitotoksik Senyawa P-Metoksi Kalkon terhadap Sel Kanker Payudara MCF-7. *Jurnal Sains Farmasi & Klinis*, 6(3), 243. <https://doi.org/10.25077/jsfk.6.3.243-249.2019>
- Fakih, T. M., Wijaya, S., & Priani, S. E. (2021). Desain Primer Gen 12S sRNA dari DNA Mitokondria Babi (*Sus scrofa*) secara In Silico sebagai Kandidat Primer dalam Analisis Molekuler Kehalalan Produk. *Jurnal Sains Farmasi & Klinis*, 8(3), 316. <https://doi.org/10.25077/jsfk.8.3.316-322.2021>
- Gaffar, S. (2007). *Diktat Buku Ajar Lekul, Bioteknologi Molekul*.
- Geldenhuys, W. J., Gaasch, K. E., Watson, M., Allen, D. D., & Schyf, C. J. V. der. (2006). pengembangan obat baru (software) (Geldenhyus 2006). *Optimizing the Use of Open-Source Software Applications in Drug Discovery*, 11(3/4), 127–132.
- Gusmiaty, ., Restu, M., & Pongtuluran, I. (2012). SELEKSI PRIMER UNTUK ANALISIS KERAGAMAN GENETIK JENIS BITTI (*Vitex coffassus*). *Perennial*, 8(1), 25. <https://doi.org/10.24259/perennial.v8i1.211>
- Hamidi, A., Yulita, K. S., Kalima, T., & Randi, A. (2019). *Strategi Konservasi 12 Spesies Pohon Prioritas Nasional 2019-2029*. LIPI Press.
- Handoyo, D., & Rudiretna, A. (2001). Prinsip umum dan pelaksanaan Polymerase Chain Reaction (PCR). *Unitas*, 9(1), 17–29.
- Hardjono, S. (2013). Sintesis Dan Uji Aktivitas Antikanker Senyawa. *Berkala Ilmiah Kimia Farmasi*, 2(1).
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hidayat, T., Indonesia, U. P., Kusdianti, K., Indonesia, U. P., Saputro, N. W., & Karawang, U. S. (2020). *IDENTIFIKASI TANAMAN BUAH TIMUN APEL SECARA IN SILICO BERBASIS*. May 2021.
- Hilu, K. W., & Liang, H. (1997). The matK gene sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany*, 84(6), 830–839. <https://doi.org/10.2307/2445819>

- Ince, A. G., Karaca, M., Onus, A. N., & Bilgen, M. (2005). *CHLOROPLAST matK GENE PHYLOGENY OF SOME IMPORTANT SPECIES OF PLANTS Recent advances in DNA sequencing technologies and molecular biology enable us to characterize genomes of organisms and now many ongoing genome projects for various species are providing*. 18(2), 157–162.
- Ito, M., Kawamoto, A., Kita, Y., Yukawa, T., & Kurita, S. (1999). Phylogenetic relationships of Amaryllidaceae based on matK sequence data. *Journal of Plant Research*, 112(2), 207–216. <https://doi.org/10.1007/pl00013874>
- Jamsari, J. (2019). *Memahami Karakteristik Pepper Yellow Leaf Curl Virus dan Interaksi dengan Inangnya Capsicum Annum Menggunakan Data Genomik*. 75 Hal.
- Johnson, A. D. (2010). An extended IUPAC nomenclature code for polymorphic nucleic acids. *Bioinformatics*, 26(10), 1386–1389. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq098>
- Kalendar, R. (2022). *A Guide to Using FASTPCR Software for PCR, In Silico PCR, and Oligonucleotide Analysis*. 2392(November 2021), 101–107. <https://doi.org/10.1017/9789382993599.019>
- Kalendar, R., Khassenov, B., Ramankulov, Y., Samuilova, O., & Ivanov, K. I. (2017). FastPCR: An in silico tool for fast primer and probe design and advanced sequence analysis. *Genomics*, 109(3–4), 312–319. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2017.05.005>
- Kalendar, R., Lee, D., & Schulman, A. H. (2011). Java web tools for PCR, in silico PCR, and oligonucleotide assembly and analysis. *Genomics*, 98(2), 137–144. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2011.04.009>
- Kang, Y., Deng, Z., Zang, R., & Long, W. (2017). DNA barcoding analysis and phylogenetic relationships of tree species in tropical cloud forests. *Scientific Reports*, 7(1), 1–9. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-13057-0>
- KLHK. (2015). *Strategi Nasional dan Arahana Rencana Aksi Pengelolaan Jenis Asing Invasif di Indonesia*.
- Kolondam, B. J., Lengkong, E., Polii-Mandang, J., Pinaria, A., Runtunuwu, S., Biologi, J., Mipa, F., Sam, U., Manado, R., Agroekoteknologi, J., Pertanian, F., Program, D., & Program, S. A. (2012). *Barcode DNA berdasarkan Gen rbcL dan matK Anggrek Payus Limondok (Phaius tancarvilleae) (DNA Barcode of Payus Limondok Orchid (Phaius tancarvilleae) Based on the rbcL and matK genes)*. www.boldsystems.org
- Kovalchuk, I. (2016). Genome Stability: An Evolutionary Perspective. In *Genome Stability: From Virus to Human Application*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803309-8.00001-X>

- Kress, W. J. (2017). Plant DNA barcodes: Applications today and in the future. *Journal of Systematics and Evolution*, 55(4), 291–307. <https://doi.org/10.1111/jse.12254>
- Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2007). A Two-Locus Global DNA Barcode for Land Plants: The Coding rbcL Gene Complements the Non-Coding trnH-psbA Spacer Region. *PLoS ONE*, 2(6). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000508>
- Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2008). DNA Barcoding—a Windfall for Tropical Biology? *Biotropica*, 40(4), 405–408. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2008.00426.x>
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D. L. (2015). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 30(1), 25–35. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.10.008>
- Krishnamurti, Y. (2010). Perlindungan Keanekaragaman Hayati Dan Permasalahannya. *Pengembangan Teknik Dan Lingkungan Hidup*, 9, 1–8.
- Kusmana, C., & Hikmat, A. (2015). The Biodiversity of Flora in Indonesia. *Journal of Natural Resources and Environmental Management*, 5(2), 187–198. <https://doi.org/10.19081/jpsl.5.2.187>
- Lesk, A. M. (2002). *Introduction to Bioinformatics*. Great Clarendon Street, Oxford, OX2 6DP, United Kingdom Oxford.
- Li, M., Cao, H., But, P. P. H., & Shaw, P. C. (2011). Identification of herbal medicinal materials using DNA barcodes. *Journal of Systematics and Evolution*, 49(3), 271–283. <https://doi.org/10.1111/j.1759-6831.2011.00132.x>
- Liljas, L. (2013). Consensus Sequences. In *Brenner's Encyclopedia of Genetics: Second Edition* (Vol. 2). Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00325-9>
- LIPI. (2020). *Potensi Keanekaragaman Hayati Indonesia untuk Bioprospeksi dan Bioekonomi | Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia*. <http://lipi.go.id/berita/potensi-keanekaragaman-hayati-indonesia-untuk-bioprospeksi-dan-bioekonomi-/22154>
- Lucas, C., Thangaradjou, T., & Papenbrock, J. (2012). Development of a DNA barcoding system for seagrasses: Successful but not simple. *PLoS ONE*, 7(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029987>
- Luscombe, N. M., Greenbaum, D., & Gerstein, M. (2001). Review: What is bioinformatics? An Introduction and Overview. *Gene Expression*, 40, 83–100. <http://papers.gersteinlab.org/e-print/whatis-imia/>

- Manurung, J., Prakasa, H., Tanjung, U. J., & Harsono, T. (2018). HUBUNGAN KEKERABATAN SPESIES DALAM GENUS *Zanthoxylum* MENGGUNAKAN SEKUEN GEN MATURASE K (matK) DNA KLOOROPLAS. *Jurnal Biosains*, 4(2), 69. <https://doi.org/10.24114/jbio.v4i2.10166>
- Maréchal, A., & Brisson, N. (2010). Recombination and the maintenance of plant organelle genome stability. *New Phytologist*, 186(2), 299–317. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03195.x>
- Martiansyah, I. (2021). Mini Review: Pendekatan Molekuler DNA Barcoding: Studi Kasus Identifikasi dan Analisis Filogenetik *Syzygium* (Myrtaceae). *Prosiding Biologi Achieving the Sustainable Development Goals with Biodiversity in Confronting Climate Change, November*, 187–195. <http://journal.uin-alauddin.ac.id/index.php/psb>
- Mathura, V. S., & Kanguene, P. (2009). *Bioinformatics: A Concept-Based Introduction*.
- Meyer, R. S., & Purugganan, M. D. (2013). Evolution of crop species: Genetics of domestication and diversification. *Nature Reviews Genetics*, 14(12), 840–852. <https://doi.org/10.1038/nrg3605>
- Minter, M., Nielsen, E. S., Blyth, C., Bertola, L. D., Kantar, M. B., Morales, H. E., Orland, C., Segelbacher, G., & Leigh, D. M. (2021). *What is Genetic Diversity and Why Does it Matter?* 9, 419–433. <https://doi.org/10.1080/713767867>
- Mondini, L., Noorani, A., & Pagnotta, M. A. (2009). Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*, 1(1), 19–35. <https://doi.org/10.3390/d1010019>
- Ningrum, D. E. A. ., Amin, M., & Lukiati, B. (2017). Pendekatan bioinformatika berbasis penelitian analisis profil protein carbonic anhydrase ii yang berpotensi sebagai kandidat penyebab autisme untuk variasi pembelajaran matakuliah bioteknologi. *Jurnal Pendidikan Biologi Indonesia*, 3(1), 28–35.
- Novi, S. C. (2022). *Ancaman Kepunahan Akibat Mutasi pada Satwa Liar*. <https://gardaanimalia.com/ancaman-kepunahan-akibat-mutasi-pada-satwa-liar/>
- Nurkamila, U. S., & Pharmawati, M. (2014). Ekstraksi Dna Dari Herbarium Angrek. *Simbiosis: Journal of Biological Sciences*, 2(1).
- Nuryady, M. M., Husamah, H., Miharja, F. J., Hindun, I., & Patmawati, P. (2020). Desain dan Optimasi Primer Gen Pengkode MRPA Trypanosoma evansi dan Penerapan pada Pembelajaran Biologi Molekuler. *Jurnal Penelitian Dan Pengkajian Ilmu Pendidikan: E-Saintika*, 4(2), 223–233. <https://doi.org/10.36312/e-saintika.v4i2.217>

- Pradnyaniti, D. ., Wirajana, I. ., & Yowani, S, C. (2010). Desain Primer secara in silico untuk Amplifikasi Fragmen Gen rpoB Mycobacterium tuberculosis Desain Primer secara in silico untuk Amplifikasi Fragmen gen rpoB Mycobacterium tuberculosis dengan Polymerase Chain Reaction (PCR). *Jurnal Farmasi Udayana*, 124–130.
- Primiani, C. N., & Pujiati. (2016). Leguminosae Kacang Gude (*Cajanus cajan*) dan Manfaatnya untuk kesehatan. *Prosiding Seminar Nasional Hasil Penelitian*, 31–35.
- Rahayu, D. A., & Jannah, M. (2019). *Dna Barcode Hewan Dan Tumbuhan Indonesia*.
- Ramadhan, M., & Taslim, A. (2013). Aplikasi Sistem Informasi Geografis Dalam Penilaian Proporsi Luas Laut Indonesia (Application of Geographic Information System for Assessment of Indonesia Marine Proportion). *Jurnal Ilmiah Geomatika*, 19(6), 141–146. <http://jurnal.big.go.id/index.php/GM/article/viewFile/208/205>
- Retnaningati, D. (2017). *Hubungan Filogenetik Intraspecies Cucumis melo L. berdasarkan DNA Barcode Gen matK Intraspecies Phylogenetic Relationship of Cucumis melo L. based on DNA Barcode Gen matK*. 2(2), 62–67.
- Retnowati, A., Rugayah, Rahajoe, J. S., Arifiani, D. (2019). *Status keanekaragaman hayati Indonesia: Kekayaan Jenis Tumbuhan dan Jamur Indonesia*.
- Rohim, A. (2019). *IDENTIFIKASI DAN INVENTARISASI TUMBUHAN LANGKA PADA EKOSISTEM HUTAN DATARAN RENDAH DI KAWASAN KAKI GUNUNG ARGOPURO KECAMATAN JELBUK KABUPATEN JEMBER*.
- Rosana, D. (2012). Struktur dan Fungsi DNA dan RNA. *Biofisika*, 16–17.
- Rugayah, Yulita, K. S., Arifiani, D., Rustiami, H., & Girmansyah, D. (2017). Tumbuhan Langka Indonesia. In *Puslitbang Biologi – LIPI*.
- Samedi. (2015). Hayati H. *Juran Hukum Lingkungan*, 2(2), 1–28.
- Samuel, R., Gutermann, W., Stuessy, T. F., Ruas, C. F., Lack, H. W., Tremetsberger, K., Talavera, S., Hermanowski, B., & Ehrendorfer, F. (2006). Molecular phylogenetics reveals *Leontodon* (Asteraceae, Lactuceae) to be diphyletic. *American Journal of Botany*, 93(8), 1193–1205. <https://doi.org/10.3732/ajb.93.8.1193>
- Saw, L. G., Chua, L. S. L., Suhaida, M., Yong, W. S. Y., & Hamidah, M. (2010). Conservation of some rare and endangered plants from Peninsular Malaysia. *Kew Bulletin*, 65(4), 681–689. <https://doi.org/10.1007/s12225-011-9251-6>

- Selvaraj, D., Sarma, R. K., & Sathishkumar, R. (2008). Phylogenetic analysis of chloroplast matK gene from Zingiberaceae for plant DNA barcoding. *Bioinformation*, 3(1), 24–27. <https://doi.org/10.6026/97320630003024>
- Seprianto. (2017). *Modul Mata Kuliah Pengantar Bioinformatika. Ibt 431*, 1–86.
- Shabrina, H., Siregar, U. J., Matra, D. D., & Siregar, I. (2020). *Konfirmasi Jenis dan Keragaman Genetik Sengon Resisten dan Rentan Infeksi Karat Tumor Menggunakan Penanda DNA Kloroplas*. 17(2), 117–130.
- Siboro, T. D. (2019). Manfaat keanekaragaman hayati terhadap lingkungan. *Jurnal Ilmiah Simantek*, 3(1), 1.
- Subositi, D., & Widodo, H. (2010). Hubungan kekerabatan filogenik interspesifik anggota genus *Stevia* berdasarkan gen Maturase K (matK). *Jurnal Tumbuhan Obat Indonesia*, 3(1), 33–41.
- Sugita, M., Shinozaki, K., & Sugiura, M. (1985). Tobacco chloroplast tRNA Lys (UUU) gene contains a 2.5-kilobase-pair intron: An open reading frame and a conserved boundary sequence in the intron. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 82(11), 3557–3561. <https://doi.org/10.1073/pnas.82.11.3557>
- Sugiyono. (2018). Langkah Metode Pendekatan Kualitatif. *Angewandte Chemie International Edition*, 6(11), 951–952.
- Sukmawati, N. M. S. (2015). Bahan Ajar Bioinformatika. *University of Udayana*, 1, 3–4.
- Sulistiani, E. S., Hesti, H. S., & Rony, I. (2020). Inventarisasi dan Persebaran Tumbuhan Langka di Kebun Raya Purwodadi. *Prosiding Seminar Nasional Biologi FMIPA UNM Inovasi Penelitian Biologi Dan Pembelajarannya Di Era Merdeka Belajar*, 7(1), 186–195. <https://ojs.unm.ac.id/semnasbio/article/view/15303>
- Susanti, T., Suraida, & Febriana, H. (2013). Keanekaragaman Tumbuhan Invasif di Kawasan Taman Hutan Kenali Kota Jambi. *Prosiding SEMIRATA*, 387–392. <http://jurnal.fmipa.unila.ac.id/index.php/semirata/article/view/640>
- Sutarno. (2015). *Biodiversitas Indonesia: Penurunan dan upaya pengelolaan untuk menjamin kemandirian bangsa*. 1, 1–13. <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m010101>
- Sutoyo. (2010). *KEANEKARAGAMAN HAYATI INDONESIA Suatu Tinjauan : Masalah dan Pemecahannya Sutoyo*. 10, 101–106.
- Sutrisno, H. (2016). Peran Ilmu Dasar Biosistemika pada Era Bioteknologi. *Prosiding Seminar Nasional Biotik*.

- Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F., Gielly, L., Miquel, C., Valentini, A., Vermat, T., Corthier, G., Brochmann, C., & Willerslev, E. (2007). Power and limitations of the chloroplast trnL (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, 35(3). <https://doi.org/10.1093/nar/gkl1938>
- Tamam, B. (2016). *Mutasi Pada Tanaman - Generasi Biologi*. <https://generasibiologi.com/2016/10/mutasi-pada-tanaman.html>
- Tamura, M. N., Yamashita, J., Fuse, S., & Haraguchi, M. (2004). Molecular phylogeny of monocotyledons inferred from combined analysis of plastid matK and rbcL gene sequences. *Journal of Plant Research*, 117(2), 109–120. <https://doi.org/10.1007/s10265-003-0133-3>
- Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., & Higgins, D. G. (1997). The CLUSTAL X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25(24), 4876–4882. <https://doi.org/10.1093/nar/25.24.4876>
- Tjitrosoedirdjo, S. (2017). Pedoman Analisis Risiko Tumbuhan Asing Invasif (Post Border). *FORIS Indonesia*, 110(9), 1689–1699.
- Valentini, A., Pompanon, F., & Taberlet, P. (2009). DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology and Evolution*, 24(2), 110–117. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.09.011>
- von Rintelen, K., Arida, E., & Häuser, C. (2017). A review of biodiversity-related issues and challenges in megadiverse Indonesia and other Southeast Asian countries. *Research Ideas and Outcomes*, 3(September). <https://doi.org/10.3897/rio.3.e20860>
- Wahyuningsih, T., Rahayu, U., Susanto, P., Ristansa, R., Ratnaningsih, A., Hutasoit, L. R., & Rumanta, M. (2011). Materi Kurikuler Biologi SMA: Hakikat Biologi dan Keanekaragaman Hayati. *Universitas Terbuka Jakarta*, 1–49.
- Walujo, E. B. (2011). Sumbangan Ilmu Etnobotani dalam Memfasilitasi Hubungan Manusia dengan Tumbuhan dan Lingkungannya [Contributions In Science Ethnobotany Facilitate *Agritrop: Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian ...*, 7(2), 375–391. <http://jurnal.unmuhjember.ac.id/index.php/AGRITROP/article/view/706>
- Wang, H., Zhang, B., Cheng, Y., Ye, Y., Zhang, P., Mo, N., & Qin, K. (2013). Genetic diversity of the endangered Chinese endemic herb *Dayaoshania cotinifolia* (Gesneriaceae) revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 48, 51–57. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2012.11.021>

- Wati, T. K., Kiswardianta, B., & Sulistyarsi, A. (2016). Keanekaragaman Hayati Tanaman Lumut (Bryophyta) Di Hutan Sekitar Waduk Kedung Brubus Kecamatan Pilang Keceng Kabupaten Madiun. *Florea : Jurnal Biologi Dan Pembelajarannya*, 3(1), 46. <https://doi.org/10.25273/florea.v3i1.787>
- Widjaja, E. A., Rahayuningsih, Y., Rahajoe, J. S., Ubaidillah, R., Maryanto, I., Walujo, E. B., & Semiadi, G. (2014). Kekinian Keragaman Hayati Indonesia. In *Jakarta-LIPI Press*.
- Widyatmoko, D. (2019a). Strategi Dan Inovasi Konservasi Tumbuhan Indonesia Untuk Pemanfaatan Secara Berkelanjutan. *Seminar Nasional Pendidikan Biologi Dan Saintek (SNPBS) Ke-IV 2019, Tabel 2*, 1–22.
- Widyatmoko, D. (2019b). Upaya Pemanfaatan Biodiversitas Tumbuhan Dalam Rangka Konservasi yang Dapat Digunakan Sebagai Pembelajaran. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 53(9), 1689–1699.
- Widyatmoko, D. (2019c). Upaya Pemanfaatan Biodiversitas Tumbuhan Dalam Rangka Konservasi Yang Dapat Digunakan Sebagai Pembelajaran. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 53(9), 1689–1699.
- Witarto, A. B., & Sajidan. (2010). *Bioinformatika: Trend dan Prospek dalam Pengembangan Keilmuan Biologi. Prosiding Seminar Biologi*, 7(1), 15–16. <http://www.jurnal.fkip.uns.ac.id/index.php/prosbio/article/view/1201>
- Wylie, C. S., & Shakhnovich, E. I. (2012). Mutation Induced Extinction in Finite Populations: Lethal Mutagenesis and Lethal Isolation. *PLoS Computational Biology*, 8(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002609>
- Xu, S., Li, D., Li, J., Xiang, X., Jin, W., Huang, W., Jin, X., & Huang, L. (2015). Evaluation of the DNA barcodes in dendrobium (Orchidaceae) from mainland Asia. *PLoS ONE*, 10(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115168>
- Yu, J., Xue, J. H., & Zhou, S. L. (2011). New universal matK primers for DNA barcoding angiosperms. *Journal of Systematics and Evolution*, 49(3), 176–181. <https://doi.org/10.1111/j.1759-6831.2011.00134.x>
- Yustinadewi, P. D., Yustiantara, P. S., & Narayani, I. (2018). Mdr-1 Gene 1199 Variant Primer Design Techniques in Pediatric Patient Buffy Coat Samples With Lla. *Metamorfosa: Journal of Biological Sciences*, 5(1), 105. <https://doi.org/10.24843/metamorfosa.2018.v05.i01.p16>
- Zulfahmi. (2013). Penanda DNA untuk Analisis Genetik Tanaman. *Jurnal Agroteknologi*, 3(2), 41–52.

DAFTAR PUSTAKA GAMBAR

- Caledonia, B. (2010). *Intsia bijuga*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari https://www.flickr.com/photos/ben_caledonia/14551882223/.
- Dita, Monalisa. (2006). *Altingia excelsa*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/33386296@N06/3115566214/>.
- Flickr. (2005). *Macodes petola*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/ericinsf/6373928485/>.
- Flickr. (2009). *Kandelia candel*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/arakankingdom/5539009098/>.
- Flickr. (2009). *Swietenia mahagoni*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/starr-environmental/24343134004/>.
- Flickr. (2019). *Shorea parvifolia*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/89906643@N06/50088441793/>.
- Kell. (2019). *Pterocarpus indicus*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://davesgarden.com/guides/pf/showimage/448776/>.
- Lim, Reuben C. (2020). *Shorea leprosula*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/reulim/49943953356/in/photostream/>.
- Nanie, Nainie. (2016). *Nepenthes mirabilis*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/143650297@N08/29956026290/>.
- Vermeulen, Ivo M. (2010). *Amorphophallus gigas*. Diakses pada 29 Juli 2022 dari <https://www.flickr.com/photos/newyorkbotanicalgarden/4343641426/>.