

**PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK UNTUK IDENTIFIKASI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA BERDASARKAN
PENANDA *Internal Transcribed Spacer* (ITS) SECARA *IN-SILICO***

SKRIPSI

Diajukan untuk memenuhi sebagian syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains
Program Studi Biologi



Disusun oleh :

Dea Amalia

NIM. 1805417

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

2022

PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK UNTUK IDENTIFIKASI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA BERDASARKAN
PENANDA *Internal Transcribed Spacer* (ITS) SECARA *IN-SILICO*

Oleh
Dea Amalia

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

©Dea Amalia 2022
Universitas Pendidikan Indonesia
Mei 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

SKRIPSI

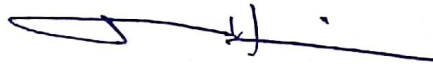
**PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK UNTUK IDENTIFIKASI
KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA BERDASARKAN
PENANDA *Internal Transcribed Spacer (ITS)* SECARA *IN-SILICO***

Dea Amalia

NIM. 1805417

Disetujui dan disahkan oleh:

Pembimbing I,



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

NIP.197004101997021001

Pembimbing II,



Dr. R. Kusdianti, M.Si.

NIP.196402261989032004

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 untuk Identifikasi Kelangkaan Jenis Tumbuhan di Indonesia Berdasarkan Penanda *Internal Transcribed Spacer* (ITS) secara *In-Silico*” 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 risiko/sanksi apabila di kemudian hari ditemukan adanya pelanggaran etika keilmuan atau ada dari pihak lain terhadap keaslian karya saya ini.

Bandung, Mei 2022

Yang membuat pernyataan

Dea Amalia

1805417

KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadirat Allah SWT atas segala berkat dan karunia-Nya, penulis dapat menyelesaikan tugas akhir dan penulisan skripsi ini yang berjudul “Pengembangan Primer Diagnostik untuk Identifikasi Kelangkaan Jenis Tumbuhan di Indonesia Berdasarkan Penanda *Internal Transcribed Spacer (ITS)* secara *In-Silico*”. Skripsi ini ditulis dan diajukan untuk memenuhi sebagian dari syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains pada Program Studi Biologi, Departemen Pendidikan Biologi, Fakultas Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Pendidikan Indonesia. Selama proses pelaksanaan dan penyusunan skripsi ini tentunya tidak lepas dari bimbingan dan bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu penulis mengucapkan terima kasih kepada :

1. Bapak Prof. Topik Hidayat, M.Si., Ph.D. selaku dosen pembimbing I yang telah banyak meluangkan waktu, pikiran, dan tenaga serta memberi bimbingan dan arahan kepada penulis selama pelaksanaan tugas akhir dan penulisan skripsi ini.
2. Ibu Dr. R. Kusdianti, M.Si. selaku dosen pembimbing II yang telah banyak memberi arahan serta dukungan kepada penulis selama pelaksanaan tugas akhir dan penulisan skripsi ini.
3. Bapak Dr. Bambang Supriatno, M.Si. selaku ketua Departemen Pendidikan Biologi FPMIPA UPI.
4. Ibu Dr. H. Diah Kusumawaty, M.Si. selaku ketua Program Studi Biologi FPMIPA UPI.
5. Ibu Dr. H. Diah Kusumawaty, M.Si. selaku dosen wali yang telah memberi banyak bimbingan dan motivasi selama empat tahun perkuliahan.
6. Seluruh dosen Departemen Pendidikan Biologi FPMIPA UPI yang telah memberikan pengajaran ilmu pengetahuan dan pengalaman yang diberikan selama perkuliahan.
7. Kedua orang tua, Bapak Enang dan Ibu Sri Hernawati serta adik M. Rizky Saputra yang selalu memberikan doa dan dukungan, baik dukungan moral maupun materi sehingga dapat memotivasi penulis menyelesaikan skripsi ini.

8. Rekan satu tim penelitian yaitu Dennisa Ameria S dan Hanina Dzikrina yang telah bersama-sama berjuang dan saling memberi dukungan selama pelaksanaan tugas akhir hingga penyusunan skripsi ini.
9. Saudara Dwiki Ramadhan yang telah memberikan doa dan dukungan selama penyusunan skripsi ini.
10. Seluruh teman-teman Biologi C 2018 yang telah kebersamai dan saling memberi bantuan dan dukungan selama empat tahun masa perkuliahan.

ABSTRAK

PENGEMBANGAN PRIMER DIAGNOSTIK UNTUK IDENTIFIKASI KELANGKAAN JENIS TUMBUHAN DI INDONESIA BERDASARKAN PENANDA *Internal Transcribed Spacer* (ITS) SECARA *IN-SILICO*

Oleh

Dea Amalia

Indonesia dikenal sebagai negara megabiodiversitas, aktivitas manusia seperti eksploitasi secara berlebihan menjadi faktor yang menyebabkan kelangkaan spesies tumbuhan tertentu. Selama ini penentuan status kelangkaan dilakukan berdasarkan distribusi populasinya dan memerlukan waktu yang sangat lama. Analisis menggunakan DNA barkod dapat menjadi alternatif dalam menyelesaikan permasalahan ini karena memerlukan waktu yang lebih singkat dan lebih akurat karena sifatnya sebagai pembawa informasi genetik. Dalam penelitian ini digunakan pendekatan secara *in-silico* menggunakan teknik DNA Barkoding dengan *Internal Transcribed Spacer* (ITS) sebagai penanda. Sebanyak 50 sampel sekuens DNA tumbuhan langka Indonesia yang diambil dari laman NCBI disejajarkan dan dibuat urutan konsensus. Berdasarkan urutan konsensus, kandidat primer dirancang dan dihasilkan 85 kandidat primer (31 pasangan primer). Pemeriksaan *in-silico* PCR menggunakan FastPCR menghasilkan pasangan primer tunggal yakni (*1:F_380-402*) dan (*1:R_394-412*). Uji efektivitas dilakukan menggunakan 20 sampel tumbuhan (10 langka dan 10 tidak langka). Hasil positif *in-silico* PCR ditunjukkan dengan keluarnya amplikon, sedangkan hasil negatif ditunjukkan dengan tidak keluarnya amplikon pada spesies tersebut. Hasil ini dapat membantu mendeteksi langka atau tidaknya suatu tumbuhan serta membantu menentukan upaya konservasi bagi tumbuhan tersebut kedepannya. Analisis menggunakan DNA barkod sangat menjanjikan di masa yang akan datang untuk deteksi awal dari kelangkaan suatu spesies tumbuhan.

Kata kunci : tumbuhan langka, DNA Barkod, pendekatan *in-silico*, penanda ITS, identifikasi spesies

ABSTRACT

THE DEVELOPMENT OF PRIMER DIAGNOSTICS FOR IDENTIFICATION OF RARE PLANTS IN INDONESIA USING IN-SILICO Internal Transcribed Spcaer (ITS)

By

Dea Amalia

Indonesia is known as megabiodiversity country, human activities such as over-exploitation become a factor that cause the rarity of certain plants species. The determination of the plants rarities are based on the distribution of their populations, which take many times. Therefore, quicker technique is needed to shorten the identification. DNA barcode could be an alternative to solve this problem because it can abridge the times and give more accurate results because its naturally carried the genetic information. In-silico approached using DNA Barcoding technique with Internal Transcribed Spacer (ITS) as a marker in this research. Fifty samples of Indonesian rare plants DNA sequences which taken from the NCBI were aligned and a consensus sequence was made. From the consensus, they're created 85 primer candidates (31 pairs primers). The examination using in-silico PCR in FastPCR produced a pair primer, its (1:F_380-402) and (1:R_394-412). The effectiveness test was carried out using 20 plant samples (10 rare and 10 not rare). The positive results were indicated by the existence of the amplicon, while the negative results didn't show it. These results can help to detect whether the plants are rare or not and to determine the conservation methods for the plants in the future. Analysis using in-silico approach is very promising for early detection of the rarities plants species in the future.

Keywords : *rare plants, DNA Barcode, in-silico approach, ITS region, species identification*

DAFTAR ISI

PERNYATAAN	i
KATA PENGANTAR	ii
ABSTRAK	iv
DAFTAR ISI	vi
DAFTAR TABEL	viii
DAFTAR GAMBAR	ix
DAFTAR LAMPIRAN	xi
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah.....	6
1.3 Pertanyaan Penelitian.....	7
1.4 Tujuan Penelitian.....	7
1.5 Batasan Masalah.....	7
1.6 Manfaat Penelitian.....	7
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	8
2.1 Keanekaragaman Tumbuhan.....	8
2.2 Tumbuhan Langka.....	9
2.3 Karakteristik Tumbuhan Langka.....	11
2.4 Bioinformatika.....	13
2.5 DNA Barkod.....	16
2.6 <i>Internal Transcribed Spacer (ITS)</i>	22
BAB III METODOLOGI PENELITIAN	26
3.1 Jenis Penelitian.....	26
3.2 Alat dan Bahan.....	26
3.3 Prosedur Penelitian.....	26
3.3.1 Pengambilan Data.....	26
3.3.2 <i>Sequence Alignment</i>	34
3.3.3 Pembuatan Sekuen Konsensus.....	38
3.3.4 Desain Primer.....	41
3.3.5 Uji Coba <i>In-Silico</i> PCR.....	43

3.4 Alur Penelitian	47
BAB IV TEMUAN DAN PEMBAHASAN	48
4.1 Temuan Penelitian	48
4.1.1 DNA Barkod	48
4.1.2 Desain Kandidat Primer	50
4.1.3 Uji <i>In-Silico</i> PCR	52
4.2 Pembahasan Penelitian	56
4.2.1 DNA Barkod	56
4.2.2 Hasil Desain Primer	59
4.2.3 Hasil <i>In-Silico</i> PCR	62
BAB V PENUTUP	66
5.1 Simpulan	66
5.2 Implikasi	66
5.3 Rekomendasi	67
DAFTAR PUSTAKA	68
LAMPIRAN	81

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
3.1. Data Sekunder berbagai Tanaman Langka di Indonesia.....	28
3.2. Poin dalam Hasil Data NCBI.....	32
4.1. Hasil Kandidat Primer dengan FastPCR.....	51
4.2. Kandidat Pasangan Primer.....	53
4.3. Hasil Pasangan Primer.....	54
4.4. Uji Efektivitas Tanaman Langka.....	54
4.5. Uji Efektivitas Tanaman <i>Non</i> -Langka.....	55

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
2.1. Daerah <i>The Internal Transcribed Spacer</i>	23
3.1. Laman IUCN	27
3.2. Informasi data <i>Durio dulcis</i> pada laman IUCN	27
3.3. Laman NCBI	30
3.4. Pencarian data sekuen DNA pada NCBI	30
3.5. Informasi data <i>Mangifera macrocarpa</i> menggunakan	31
penanda <i>Iternal Transcribed Spacer</i> (ITS)	31
3.6. Poin “FASTA”	32
3.7. Data dalam format FASTA	32
3.8. Data pada perangkat lunak <i>NotePad</i>	33
3.9. Contoh beberapa data dalam format FASTA	33
3.10. Langkah-langkah melakukan <i>sequence alignment</i>	34
menggunakan perangkat lunak ClustalX	34
3.11. Perangkat lunak ClustalX	35
3.12. Data sekuen DNA di- <i>input</i> pada ClustalX	35
3.13. Data disimpan dalam format NEXUS	35
3.14. <i>Alignment</i> pada perangkat lunak ClustalX	36
3.15. Hasil <i>alignment</i>	36
3.16. <i>Trimming</i> pada sekuen bagian awal	37
3.17. <i>Trimming</i> pada sekuen bagian akhir	37
3.18. Tahapan pembuatan sekuen konsensus menggunakan	38
perangkat lunak Bioedit	38
3.19. Perangkat lunak BioEdit	38
3.20. <i>Input</i> data pada perangkat lunak BioEdit	39
3.21. Pembuatan sekuen konsensus pada perangkat lunak BioEdit	39
3.22. Hasil sekuen konsensus	39
3.23. Penyimpanan data sekuen konsensus pada perangkat lunak BioEdit	40
3.24. Hasil FASTA pada program <i>NotePad</i>	40
3.25. IUPAC DNA <i>Codes</i>	41

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
3.26. Hasil sekuen konsensus	41
3.27. Langkah-langkah mendesain primer menggunakan	42
perangkat lunak FastPCR.	42
3.28. Perangkat lunak FastPCR	42
3.29. Sekuen konsensus di- <i>input</i> pada FastPCR	43
3.30. Hasil desain primer	43
3.31. Langkah-langkah uji coba <i>in-silico</i> PCR menggunakan FastPCR.....	44
3.32. FASTA tumbuhan di- <i>input</i> pada FastPCR	45
3.33. Pasangan kandidat primer di- <i>input</i> pada FastPCR	45
3.34. Hasil positif <i>In-silico</i> PCR	45
3.35. Hasil negatif <i>In-silico</i> PCR	46
3.36. Alur penelitian.....	47
4.1. Sekuen DNA bagian awal sebelum <i>trimming</i>	48
4.2. Sekuen DNA bagian awal setelah <i>trimming</i>	49
4.3. Sekuen DNA bagian akhir sebelum <i>trimming</i>	49
4.4. Sekuen DNA bagian akhir setelah <i>trimming</i>	49
4.5. Hasil sekuen konsensus pada perangkat lunak BioEdit	50
4.6. Hasil sekuen konsensus pada <i>NotePad</i>	50
4.7. Kandidat-kandidat primer positif	52
4.8. Hasil positif <i>in-silico</i> PCR terhadap <i>Intsia bijuga</i>	56
4.9. Hasil negatif <i>in-silico</i> PCR terhadap <i>Aloe vera</i>	56
4.10. Hasil positif pasangan primer	63
4.11. Hasil negatif pasangan primer	63

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Kriteria kandidat-kandidat primer	81
2. Kandidat primer positif dan pasangan kandidat primer	82
3. Pemasangan kandidat-kandidat primer dan sampel tumbuhan langka	83

DAFTAR PUSTAKA

- Agarwal, M., Shrivastava, N., dan Padh, H. (2008). Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Reporter*, 27: 617–631. DOI 10.1007/s00299-008-0507-z
- Alejandro, G. J. D., Razafimandimbison, S., dan Liede, S. (2005). Polyphyly of *Mussaenda* inferred from ITS and trnT–F data and its implication for generic limits in *Mussaendeae* (Rubiaceae). *American Journal of Botany* 3: 544–557.
- Alvarez, I. dan Wendel, J. F. (2003). Ribosomal ITS sequences and plant phylogenetic inference. *Mol. Phylogenet. Evol.* 29: 417-434.
- Aprijani, D. A. dan Elfaizi, M. A. (2004). BIOINFORMATIKA: Perkembangan, Disiplin Ilmu dan Penerapannya di Indonesia. [Online]. Diakses dari : https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/45169100/bioinfor_2_cinwit_hcover-pagev2.pdf
- Ardiyani, M., Wardani, W., dan Sulistyaningsih, L. D. (2019). Barkoding DNA Gaharu Indonesia Menggunakan Marka dari Genom Kloroplas dan Genom Inti. Prosiding Seminar Nasional Konservasi dan Pemanfaatan Tumbuhan dan Satwa Liar. *Herbarium Bogoriense, Pusat Penelitian Biologi*.LIPI.
- Ashraf, F. B., Abir, A. I., Salekin, M. S., dan Mottalib, M. A. (2017). RPPMD (Randomly Projected Possible Motif Discovery): An Efficient Bucketing Method for Finding DNA Planted Motif. *IEEE International Conference on Electrical, Computer and Communication Engineering (ECCE)*, 509-513.
- Atmaja, F. D. (2014). *Amplifikasi Internal Transcribed Spacer dan β -tubulin pada Tanaman *Jacobaea* sp. (Asteraceae) setelah Perlakuan Fungisida Sistemik*. Skripsi Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.
- Badan Perencana Pembangunan Nasional [BAPPENAS]. (1993). *Biodiversity Action Plan for Indonesia*. Jakarta: BAPPENAS.
- Baldwin, B. G. (1992). Phylogenetic utility of the Internal Transcribed Spacers of Nuclear Ribosomal DNA in Plants: An Example from the Compositae. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 1: 3–16.
- Baldwin, B. G., Sanderson, M. J., Porter, J. M., Wojciechowski, M. F., Campbell, C. S., dan Donoghue, M. J. (1995). The ITS Region of Nuclear Ribosomal DNA: a Valuable Sources of Evidence on Angiospermae Phylogeny. *Annals of The Missouri Botanical Garden* 82: 247-277.

- Barcaccia, G., Lucchin, M., dan Cassandro, M. (2015). DNA Barcoding as a Molecular Tool to Track Down Mislabeling and Food Piracy. *Diversity*, 8(4), 1-16. doi: <http://dx.doi.org/10.3390/d8010002>
- Bartlett, J. M. S. dan Stirling, D. (2003). *Methods in Molecular Biology*. Vol. 226: PCR Protocols 2 nd Editions. Totowa. NJ : *Human Press Inc*. 81-604.
- Barton, C., Flouri, T., Iliopoulos, C. S., dan Pissis, S. P. (2015). Global and Local Sequence Alignment with a Bounded Number of Gaps. *Theoretical Computer Science*, 582, 1-16. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tcs.2015.03.016>
- Beeck, M. O. D., Lievens, B., Busschaert, P., Declerck, S., Vangronsveld, J., dan Colpaert, J. V. (2014). Comparison and Validation of Some ITS Primer Pairs Useful for Fungal Metabarcoding Studies. *PLoS ONE*. 9(6): e97629. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097629>
- Begerow, D., Nilsson, H., Unterseher, M., dan Maier, W. (2010). Current State and Perspectives of Fungal DNA Barcoding and Rapid Identification Procedures. *Appl Microbial Biotechnol*, 87(1), 99–108. <http://doi.org/10.1007/s00253-010-2585-4>.
- Borah, P. (2011). Primer Designing for PCR. *Science Vision*. Vol. 11(3): 134- 136.
- Buchan, R. dan Newell. (2002). Analysis of Internal Transcribed Spacer (ITS) Region of rRNA Genes in Fungal Communities in Southeastern U.S. Salt Marsh. *Micro Ecol* 43:329-340.
- Chappell, J., Grotewold, E., dan Kellogg, E. A. (2015). Genomes of Organelles. *Plant Genes, Genomes and Genetics*. Wiley-Blackwell. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/9781118539385.ch5>
- Charlesworth, D. dan Willis, J. H. (2009). The genetics of inbreeding depression. *Nat. Rev. Genet.* 10, 783–796.
- Chase, M. W., Cowan, R. S., Hollingsworth, P. M., Van Den Berg, C., Madrin'an, S., Petersen, G., Seberg, O., T. Jorsensen, K. M., Cameron, M., Carine, N., Pedersen, T. A. J., Hedderson, F., Conrad, G. A., Salazar, J. E., Richardson, M. L., Hollingsworth, T. G., Barraclough, L., Kelly dan Wilkinson, M. (2007). A proposal for a standardised protocol to barcode all land plants. *Taxon* 56:295–299.
- Chen, S., Yao, H., Han, J., dan Liu, C. (2010). Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS One* 5: e8613

- Coleman A. W. (2009). Is There a Molecular Key to the Level of "Biological Species" in Eukaryotes? A DNA Guide. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 50(1), 197–203. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.10.008>
- Consortium for the Barcoding of Life (CBOL) Plant Working Group. (2009). A DNA barcode for land plant. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 106: 12794-12797.
- Cristescu, M. E. (2014). From barcoding single individuals to metabarcoding biological communities: Towards an integrative approach to the study of global biodiversity. *Trends in Ecology and Evolution*. 29 (10): 566–571. doi: 10.1016/j.tree.2014.08.001.
- DeSalle, R., Egan, M. G., dan Siddall, M. (2005). The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Phil. Trans. R. Soc. B* 360, 1905-1916. doi:10.1098/rstb.2005.1722.
- de Vere, N., Rich, T. C. G., Trinder, S. A., dan Long, C. (2015). DNA Barcoding for Plants. Dalam *J. Batley* (Penyunting), *Plant Genotyping: Methods in Molecular Biology (Methods and Protocols)* (hlm. 101-118). New York: *Humana Press*. doi: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_8
- Dewi, R. W., Dewi, V. R., Yowani, S. C., dan Yustiantara, P. S. (2018). Desain Primer untuk Amplifikasi Regio Promoter Gen inh A Isolat P016 Multidrug Resistance Mycobacterium tuberculosis dengan Metode Polymerase Chain Reaction. *J Farm Udayana*. 7(1):34-39
- Dick, C. W. dan Kress, W. J. (2009). Dissecting tropical plant diversity with forest plots and a molecular toolkit. *BioScience*. 59: 745–755
- Dolezel, J. dan Bartos, J. (2005). Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size. *Ann. Bot.* 95, 99–110
- Dorak, M.T. (2006). Real-Time PCR. *Taylor and Francis Group*. New York.
- Edger, P. P., Tang, M., Bird, K. A., Mayfield, D. R., Conant, G., Mummenhoff, K., Koch, M. A., dan Pires, J. C. (2014). Secondary Structure Analyses of the Nuclear rRNA Internal Transcribed Spacers and Assessment of its Phylogenetic Utility Across the Brassicaceae (Mustards). *PLoS ONE*, 9(7), e101341. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101341>
- Eurlings, M. C. M. dan Gravendeel, B. (2005). TrnL-TrnF sequence data imply parphyly of Aquilaria and Gyrinops (Thymelaceae) and provide new perspectives for agarwood identification. *Plant. Syst. Evol.* 254:1-12.
- Faatih, M. (2009). Isolasi dan Digesti DNA Kromosom Isolation and Digestion of Chromosomal DNA. *Jurnal Penelitian Sains & Teknologi*, 10(1), 61-67.

- Fakih, T. M., Wijaya, S., dan Priani, S. E. (2021). Design of 12S rRNA gene primer from pork mitochondrial dna (sus scrofa) through in silico as primer candidates in molecular analysis of product halalness. *J Sains Farm Klin* 8(3):316–322. DOI: 10.25077/jsfk.8.3.316-322.2021
- Fatchiyah. (2015). Book: Prinsip Dasar Bioinformatika. *Universitas Brawijaya Press*. ISBN: 978-602-203-735-4.
- Fay, M. F., Cowan, R. S., dan Leitch, I. J. (2005). The effects of DNA amount on the quality and utility of AFLP fingerprints. *Ann. Bot.* 95, 237–246.
- Frankham, R. (1997). Do island populations have less genetic variation than mainland populations. *Heredity* 78, 311–327.
- Frankham, R., Ballou, J. D. dan Briscoe, D. A. (2002). Introduction to conservation genetics. *Cambridge University Press*.
- Freire, M. C. M., da Silva, M. R., Zhang, X., Almeida A. M. R., Stacey, G., dan de Oliveira, L. O. (2012). Nucleotide Polymorphism in the 5.8S nrDNA Gene and Internal Transcribed Spacers in *Phakopsora pachyrhizi* Viewed from Structural Models. *Fungal Genetics and Biology*, 49(2), 95-100. doi: <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2011.12.010>
- Gomes, E.A., Alcalde, C. R., dan de Macedo, F. D. F. (2002). Polymorphism in The Internal Transcribed Spacer (ITS) of The Ribosomal DNA of 26 Isolates of Ectomycorrhizal Fungi. *Genet Mol Biol* 25(4), 477-483
- Gonzalez, M. A., C. Baraloto, J., Engel, S. A., Mori, P., Pe'tronelli, B., Rie'ra, A., Roger, C., The'baud, dan Chave, J. (2009). Identification of Amazonian Trees with DNA Barcodes. *PLoS ONE* 4(10): e7483. doi:10.1371/journal.pone.0007483.
- Gusfield, D. (1997). Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. USA: *Cambridge University Press*.
- Hajibabaei, M., Singer, G. A., Hebert, P. D., dan Hickey, D. A. (2007). DNA Barcoding: How it Complements Taxonomy, Molecular Phylogenetics and Population Genetics. *TRENDS in Genetics*, 23(4), 167-172.
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleid Acid Symposium Series* 41:95- 98.
- Handoyo, D. dan Rudiretna, A. (2000). Prinsip Umum Dan Pelaksanaan Polymerase Chain Reaction (PCR) (General Principles and Implementation Of Polymerase Chain Reaction). *Unitas*. 9 (1): 17-29.

- Harlan, J. (2006). *Informatika kesehatan*. Jakarta: *Penerbit Gunadarma*
- Hebert, P. D. N., Cywinska, N. A., Ball, S. L., dan de Waard, J. R. (2007). Biological Identifications through DNA Barcodes. *Proc. Roy. Soc. B-Biol. Sci.* 270: 313–321
- Hidayat, T. dan Pancoro, A. (2008). Kajian Filogenetika Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek Topik. *AgroBiogen*, 4(1), 35–40
- Hidayat, T., Kusumawaty, D., Kusdianti, K., Yati, D. D., Muchtar, A. A., dan Mariana, D. (2008). Analisis Filogenetik Molekuler pada *Phyllanthus niruri* L. (Euphorbiaceae) Menggunakan Urutan Basa DNA Daerah Internal Transcribed Spacer (ITS). *Jurnal Matematika dan Sains*, 13(1), 16-21.
- Hidayat, T., Arif, S. M., dan Samad, A. A. (2013). Molecular biodiversity of selected mango cultivars based on DNA sequences of internal transcribed spacer region. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 16 (19): 1072- 1075.
- Hidayat, T., Junior, D., Kusdianti, dan Saputro, N. W. (2020). Identifikasi Tanaman Buah Timun Apel Secara In Silico Berbasis Kode Batang DNA. *UPI Press*.
- Hiesel, R., von Haeseler, A., dan Brennicke, A. (1994). Plant Mitochondrial Nucleic Acid Sequences as A Tool for Phylogenetic Analysis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91(2), 634– 638. doi: <https://doi.org/10.1073/pnas.91.2.634>
- Hillis, D. M. dan Dixon, M. T. (1991). Ribosomal DNA: Molecular Evolution and Phylogenetic Inference. *The Quarterly Review of Biology*, 66(4), 411–453. doi: <https://doi.org/10.1086/417338>
- Hollingsworth, P. M., Forrest, L. L., Spouge, J. L., Hajibabaei, M., dan Ratnasingham, R. (2009). A DNA Barcode for Land Plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 106: 12794-12797.
- International Union for Conservation of Nature (IUCN). (2013). *The IUCN red list of threatened species*. Version 2013.2.
- International Union of Pure and Applied Chemistry (IUPAC). (1919). *IUPAC DNA Codes*. Diakses dari : <https://www.bioinformatics.org/sms/iupac.html>.
- Iverson dan Cheryl. (2007). *AMA Manual of Style*. Oxford, *Oxfordshire: Oxford University Press*.
- Jiang, R., Zhang, X., dan Zhang, M. Q. (2016). *Basics of Bioinformatics*. *Springer Verlag Berlin An*.

- Jobst, J., King, K., dan Hemleben, V. (1998). Molecular Evolution of the Internal Transcribed Spacers (ITS1 and ITS2) and Phylogenetic Relationships among species of the Family Cucurbitaceae. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 9: 204–219.
- Johnson, A. D. (2010). An Extended IUPAC Nomenclature Code for Polymorphic Nucleic Acids. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 26(10), 1386–1389. doi: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq098>
- Jorgensen, R. A., Cueller, R. E., Thomson, W.F., dan Kavanagh, T.A. (1987). Structure and Variation in Ribosomal RNA Gene of Pea. *Plant Mol. Biol.*, 8:3-12.
- Kalendar, R., Lee, D., dan Schulman, A. H. (2011). Java web tools for PCR, in silico PCR, and oligonucleotide assembly and analysis. *Genomics* 98:137–144.
- Kalendar, R., Khassenov, B., Ramankulov, Y., Samuilova, O., dan Ivanov, K. I. (2017). FastPCR: an in silico tool for fast primer and probe design and advanced sequence analysis. *Genomics* 109: 312-319.
- Kartawinata, K. (2005). Six decades of natural vegetation studies in Indonesia. Hal. 95-140 dalam Soemodihardjo S dan Sastrapradja (Ed.), Six Decades of Science and Scientist in Indonesia. *Naturindo*, Bogor.
- Khan, N. T. (2017). MEGA-Core of Phylogenetic Analysis in Molecular Evolutionary Genetics. *Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology*,5(2).
- Knight, C. A., Molinari, N. A., dan Petrov, D. A. (2005). The large genome constraint hypothesis: Evolution, ecology and phenotype. *Ann. Bot.* 95, 177–190.
- Kraaijeveld, K. (2010). Genome size and species diversification. *Evol. Biol.* 37, 227–233.
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., dan Janzen, D. H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 102: 8369–8374.
- Kress, W. J. dan Erickson, D. L. (2007). A two locus global DNA barcode for land plants: The coding rbcL gene complements the noncoding trnH-psbA spacer region. *PLoS ONE*2: e508. doi:10.1371/journal.pone.0000508.
- Kress, W. J. dan Erickson, D. L. (2008a). DNA Barcoding—a Windfall for Tropical Biology?. *Biotropica*, 40(4): 405–408 DOI: 10.1111/j.1744-7429.2008.00426.x

- Kress, W. J. dan Erickson, D. L. (2008b). DNA barcoding: Genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 105:2761–2762.
- Kress, W. J., Erickson, D. L., N. G. Swenson, J., Thompson, M., Uriarte, dan Zimmerman, J. K. (2010). Advances in the Use of DNA Barcodes to Build a Community Phylogeny for Tropical Trees in a Puerto Rican Forest Dynamics Plot. *PLoS ONE* 5(11): e15409. doi:10.1371/journal.pone.0015409
- Kusmana, C. dan Hikmat, A. (2015). The Biodiversity of Flora in Indonesia. *Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Alam dan Lingkungan*. Vol. 5No. 2): 187-198. doi: 10.19081/jpsl.5.2.187
- Lahaye, R., M. Van Der Bank, D., Bogarin, J., Warner, F., Pupulin, G., Gigot, O., Maurin, S., Duthoit, T. G., Barraclough, dan Savolainen, V. (2008). DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 105: www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0709936105
- Lande, R. (1988). Genetics and demography in biological conservation. *Science* f241: 1455-1460.
- Leitch, I. J. dan Bennett, M. D. (2007). Genome size and its uses: The impact of flow cytometry. *Wiley-VCH Verlag GmbH dan Co. KGaA:Weinheim. Germany*. 153–176:https://doi.org/10.1002/9783527610921.ch7
- Li, L. Y., Li, Q., Yu, Y. H., Zhong, M., Yang, L., dan Wu, Q. H. (2011). A primer design strategy for PCR amplification of GC-rich DNA sequences. *Clin Biochem*. 44(8–9). https://doi.org/10.1016/j.clinbiochem.2011.02.001
- Li, Y., Zhang, J., Wei, W., Wang, Z., Prinz, M., dan Hou, Y. (2014). A strategy for co-analysis of microRNAs and DNA. *Forensic Sci Int Genet*. https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.04.011
- Liljas, L. (2013). Consensus Sequences. Dalam S. Maloy dan K. Hughes (Penyunting), *Brenner's Encyclopedia of Genetics (Edisi Kedua)* (hlm 163-164). *Academic Press*. doi: https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00325-9
- Lynch, M. (2007). The frailty of adaptive hypotheses for the origins of organismal complexity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 104, 8597–8604.
- MacKinnon, J. dan Artha, M. B. (1981). A National Conservation Plan for Indonesia: National park development and general topics. *Food and*

Agriculture Organization of the United Nations. National Parks Development Project, UNDP/FAO National Parks Development Project.

- Mondini, L. A., Noorani, M. A., dan Pagnotta. (2009). Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools. *Diversity*, 1: 19-35; doi:10.3390/d1010019
- Motta, F. C., Born, P. S., Resende, P. C., Brown, D., dan Siqueira, M. M. (2019). An inexpensive and accurate reverse transcription-PCR–melting temperature analysis assay for real-time influenza virus B lineage discrimination. *J Clin Microbiol.* 57(12). <https://doi.org/10.1128/JCM.00602-19>
- NHGRI. *National Human Genome Research Institute.* (2010). <https://www.nih.gov/about-nih/what-we-do/nih-almanac/national-human-genome-research-institute-nhgri>.
- Nilsson, R. H., Kristiansson, E., Ryberg, M., Hallenberg, N., dan Larsson, K. H. (2008). Intraspecific ITS Variability in the Kingdom Fungi as Expressed in the International Sequence Databases and its Implications for Molecular Species Identification. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 4, 193–201. doi: <https://doi.org/10.4137/ebo.s653>
- Nilsson, R. H., Ryberg, M., Abarenkov, K., Sjökvist, E., dan Kristiansson, E. (2009). The ITS Region As A Target for Characterization of Fungal Communities Using Emerging Sequencing Technologies. *FEMS Microbiology Letters*, 296(1), 97–101. <http://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2009.01618.x>.
- Nurkamila, U. S. dan Pharmawati, M. (2014). Ekstraksi DNA dari Herbarium Anggrek. *Jurnal Simbiosis II*, 2(1), 135-146.
- O'Brien, H. E. J. L., Parrent, J. A., Jackson, J. M., Moncalvo dan Vilgalys, R. (2005). Fungal Communities' Analysis By Large-Scale Sequencing of Environmental Samples. *Environ. Microbiol* 71, 5544-5550.
- Patel, N. K. dan Prakash, N. (2013). Principle and Tools For Primer Design. *Atmiya Spandan Biological Sciences*. 1: 79-95.
- Peraturan Pemerintah RI No. 7 Tahun 1999. Tentang Jenis-jenis Tumbuhan dan Satwa yang Dilindungi.
- Plant, C. dan Group, W. (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. Retrieved from <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2722355&tool=pmcentrez&rendertype=abstract>

- Powers, T.O., Todd, T.C., Bernell, A.M., Murray, P.C.B., Fleming, C.C., Szalanski A.L., Adams B.A., dan Harris T.S. (1997). The rDNA Internal Transcribed Spacer Regions As A Taxonomic Marker For Nematodes. *Journal of Nematology*. 29(4): 441450.
- Rahayu, D. A. dan Jannah, M. (2019). DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia. Jakarta: *Yayasan Inspirasi Ide Berdaya*.
- Rathgeber, J. dan Capesius, I. (1989). Nucleotide Sequence of the 18S–25S spacer region from mustard DNA. *Nucleic Acid Research* 17: 7522.
- Razei, A., Sorouri, R., Mousavi, S. L., Nazarian, S., Amani, J., dan Aghamollaei, H. (2017). Presenting a rapid method for detection of *Bacillus cereus*, *Listeria monocytogenes* and *Campylobacter jejuni* in food samples. *Iran J Basic Med Sci*. 20(9). <https://doi.org/10.22038/IJBMS.2017.9275>
- Retnowati, A., Rugayah, Rahajoe, J. S., dan Arifiani, D. (2019). Status Keanekaragaman Hayati Indonesia: Kekayaan Jenis Tumbuhan dan Jamur Indonesia. *Indonesia: Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI)*.
- Rugayah, Yulita, K. S., Arifiani, D., Rustiami, H., dan Girmasnyah, D. (2017). Tumbuhan Langka Indonesia : 50 Jenis Tumbuhan Terancam Punah. *Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI). Pusat Penelitian Biologi- LIPI*.
- Samson, R. A., Houbraken, J., Thrane, U., Frisvad, J. C., dan Andersen, B. (2010). Food and Indoor Fungi. (P. . Crous & R. . Samson, Eds.). *Utrecht: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Center*.
- Saraswati, H., Seprianto., dan Wahyuni, F. D. (2019). Desain Primer Secara In Silico untuk Amplifikasi Gen cryIII dari *Bacillus thuringiensis* Isolat Lokal. *Indonesian Journal of Biotechnology and Biodiversity*. Volume 3, Issue 1. page 33-38.
- Sass, C., Little, D. P., Stevenson, D. W., dan Specht, C. D. (2007). DNA barcoding in the Cycadales: Testing the potential of proposed barcoding markers for species identification of cycads. *PLoS ONE* 2: e1154.[doi:10.1371/journal.pone.0001154](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001154)
- Schnabel, A., Mcdonel, P. E., dan Wendel, J. F. (2003). Phylogenetic relationships in *Gleditsia* (Leguminosae) based on ITS sequences. *American Journal of Botany* 90: 310–320.
- Schoch, C. L., Raja, H. A., Hustad V. P., Shearer, C. A., dan Miller, A. N. (2011). Testing the phylogenetic utility of MCM7 in the Ascomycota. *MycoKeys* 1:63–94.

- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A., dan Chen, W. (2012). Fungal Barcoding Consortium. Nuclear Ribosomal Internal Transcribed Spacer (ITS) Region as an Universal DNA Barcode Marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109 (16), hlm. 6241- 6246. doi: 10.1073/pnas.1117018109
- Schonewald-Cox, C. M., Chambers, S. M., MacBryde, B., dan Thomas, W. L. (1983). Genetics and Conservation: A Reference for Managing Wild Animals and Plant Populations. *Benjamin/Cummings*, Menlo Park.
- Selvaraj, D., Saravanan, M., dan Sathishkumar, R. (2018). DNA Databases: Promises and Limitations for Plant DNA Barcoding. Dalam S. Trivedi, H. Rehman, S. Saggi, C. Panneerselvam, S. K. Ghosh (Penyunting), DNA Barcoding and Molecular Phylogeny, (hlm. 179-195). Switzerland: *Springer International Publishing*.
- Shi, L. C., Zhang, J., Han, J. P., Song, J. Y., Yao, H., Zhu, Y., Li, J. C., Wang, Z. Z., Xiao, W., Lin, Y. L., Xie, C. X., Qian, Z. Z., dan Chen, S. L. (2011). Testing The Potential of Proposed DNA Barcodes for Species Identification of Zingiberaceae. *Journal of Systematics and Evolution*, 49(3), 261–266. doi: 10.1111/j.1759-6831.2011.00133.x
- Shneer, V. S. (2009). DNA barcoding is a new approach in comparative genomics of plants. *Genetika* 45: 1436-1448.
- Sliwinska, E. (2018). Flow cytometry—A modern method for exploring genome size and nuclear DNA synthesis in horticultural and medicinal plant species. *Folia Hort.* 30, 103–128.
- Small, R. L., Cronn, R. C., dan Wendel, J. F. (2004). Use of Nuclear Genes for Phylogeny Reconstruction in Plants. *Australian Systematic Botany*, 17(2), 145-170. doi: 10.1071/sb03015
- Spielman, D., Brook, B. W., dan Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 101, 15261–15264.
- Sudirga, S. K. (2012). Pemanfaatan Tumbuhan sebagai Obat Tradisional di Desa Trunyan Kecamatan Kintamani Kabupaten Bangli. *Bumi Lestari*, 4(2), 1411-9668.
- Suetsugu, K., Shimaoka, C., Fukunaga, H., dan Sawa, S. (2018). The taxonomic Identity Of Three Varieties Of *Lecanorchis Nigricans* (Vanilleae, Vanilloideae, Orchidaceae) in Japan. *PhytoKeys* 92:17–35.
- Sugiyono. (2005). Metode Penelitian Kuantitatif Kualitatif. Bandung: *Alfabeta*.

- Sundari, A. A., Paramitha, N. P. M. R. D., Yowani, S. C., dan Yustiantara, P. S. (2020). Desain DNA Pelacak Secara In Silico sebagai Pendeteksi Mutasi Pada Gen embB Mycobacterium tuberculosis. *Cakra Kimia (Indonesian E-Journal of Applied Chemistry)*. Volume 8 Nomor 1.
- Suparman. (2012). Markah molekuler dalam identifikasi dan analisis kekerabatan tumbuhan serta implikasinya bagi mata kuliah genetika. *Jurnal Bioedukasi*.1(1):59–68. Available at: <http://ejournal.unkhair.ac.id/index.php/bioedukasi/article/view/155>.
- Suparman., Ahmad, H., dan Ahmad, Z. (2016). Desain Primer PCR Secara in silico untuk Amplifikasi Gen COI pada Kupu-kupu *Papilio ulysses* Linnaeus dari Pulau Bacan. *J Pendidik Mat dan IPA*. 7(1):14-25.
- Sutrisno, H. (2016). PERAN ILMU DASAR BIOSISTEMATIKA PADA ERA BIOTEKNOLOGI. *Prosiding Seminar Nasional Biotik*, 147, 11–40.
- Suwarno. (2009). Panduan Pembelajaran Biologi: Untuk SMA/MA Kelas XII. Jakarta. *Pusat Perbukuan, Departemen Pendidikan Nasional*.
- Syahputra, G. (2015). Peran Bioinformatika dalam Desain Kandidat Molekul Obat. *BioTrends*. Vol.1 No.1. LIPI.
- Taberlet, P., E. Coissac, F., Pompanon, L., Gielly, C., Miquel, A., Valentini, T., Vermet, G., Corthier, C., Brochmann., dan Willerslev, E. (2006). Power and limitations of the chloroplast trnL (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, e1–8doi:10.1093/nar/gkl938.
- Taberlet, P., E. Coissac, F., Pompanon, L., Gielly, C., Miquel, A., Valentini, T., Vermet, G., Corthier, C., Brochmann., dan Willerslev, E. (2007). Power and limitations of the chloroplast trnL (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, e14.doi:10.1093/nar/gkl938
- Tasliyah. (2014). Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian Indonesian Agency for Agricultural Research and Development. *Warta Biogen*. Vol. 9, No. 2, Agustus 2013.
- Teachen, N., Parveen, I., Pan, Z., dan Khan, I. A. (2014). DNA Barcoding of Medicinal Plant Material for Identification. *Current Opinion in Biotechnology*. 25(103): 103-110.
- Temsch, E. M., Temsch, W., Ehrendorfer-Schratt, L., dan Greilhuber, J. (2010). Heavy metal pollution, selection, and genome size: The species of the Žerjav study revisited with flowcytometry. *J. Bot. Article ID596542*.

- Thampi, S. M. (2009). Introduction to Bioinformatics. *arXiv preprint arXiv:0911.4230*.
- Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., dan Higgins, D. G. (1997). The ClustalX Windows interface: flexible strategies for multiple alignment through sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research* 25:4876e82.
- Venkateswarlu, K. dan Nazar, R. (1991). A conserved core structure in the 18–25S rRNA intergenic region from tobacco, *Nicotiana rustica*. *Plant Molecular Biology* 17: 189–194.
- Vidic, T., Greilhuber, J., Vilhar, B., dan Dermastia, M. (2009). Selective significance of genome size in a plant community with heavy metal pollution. *Ecol. Appl.* 19, 1515–1521.
- Vinogradov, A. E. (2003). Selfish DNA is maladaptive: Evidence from the plant Red List. *Trends Genet.* 19, 609–614.
- Virgilio, M., Jordaens, K., dan Breman, F. (2012). Turning DNA Barcodes into an Alternative Tool for Identification: African Fruit Flies as a Model (Poster). *Consortium For the Barcode of Life (CBOL)*.
- Vrain, T.C. dan McNamara, D.G. (1994). Potential for Identification of Quarantine Nematodes by PCR. *EPPO Bulletin.* 24:453-458.
- Weising, K., Nybom, H., Wolff, K., dan Kahl, G. (2005). DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods, and Applications. *Second Edition. Taylor & Francis Group. BocaRaton*.
- Whitemore, T. C. dan Sidiyasa, K. (1986). Composition and structure of a lowland rain forest at Toraut, Northern Sulawesi. *Kew Bull.* 41: 747-756.
- Whitten, T., Soeriaatmadja, R. E., dan Afiff, S. A. (1997). The Ecology of Java and Bali. *Oxford: University Press*.
- Widjaja, E. A., Rahayuningsih, Y., Rahajoe, J. S., Ubaidillah, R., Maryanto, I., Walujo, E. B., dan Semiadi, G. (2014). *Kekinian Keragaman Hayati Indonesia*.
- Wikiwand.com. (2014). *Internal Transcribed Spacer*. Diakses dari : https://www.wikiwand.com/en/Internal_transcribed_spacer [18 Juni 2022]
- World Health Organization [WHO]. (2013). *Traditional medicine*. Diakses dari : <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs134/en/> [11 Oktober 2021]
- Xiong, J. (2006). Essential bioinformatics. *Cambridge University Press*.

- Xue, C. Y. dan Li, D. Z. (2011). Use of DNA barcode sensu lato to identify traditional Tibetan medicinal Plant *Gentianopsis paludosa* (Gentianoaceae). *J. Sys. Evol.* 49(3):267–270.
- Yao, H., Song, J., Liu, C., Luo, K., dan Han, J. (2010). Use of ITS2 Region as the universal DNA barcode for plants and animals. *PLOS ONE* 5(10): e13102
- Yasmon, A., Fatmawati, N. N. D., Ibrahim, F., dan Bela, B. (2010). A second generation of RT-PCR assay for detection of human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) infection. *Med J Indones.* 19(3). <https://doi.org/10.13181/mji.v19i3.397>
- Yokota, Y., Kawata, T., Iida, Y., Kato, A., dan Tanifuji, S. (1989). Nucleotide Sequences of the 5.8S gene rRNA gene and internal transcribed spacer regions in carrot and broad bean ribosomal DNA. *Journal of Molecular Evolution* 29: 294–301.
- Zaid, T., Ereqat, S., Nasereddin, A., Al-Jawabreh, A., Abdelkader, A., dan Abdeen, Z. (2019). Molecular characterization of *Anaplasma* and *Ehrlichia* in ixodid ticks and reservoir hosts from Palestine: a pilot survey. *Vet Med Sci.* 5(2). <https://doi.org/10.1002/vms3.150>
- Zuhud, E. A. M. dan Haryanto. (1994). Pelestarian Pemanfaatan Keanekaragaman Tumbuhan Obat Hutan Tropika Indonesia. *Fakultas Kehutanan IPB*, Bogor.
- Zulfahmi. (2013). Penanda DNA untuk Analisis Genetik Tanaman. *Jurnal Agroteknologi*. Vol. 3 No. 2. Hal 41-52