

**IDENTIFIKASI DUA JENIS *Syzygium* ASAL PAPUA
KOLEKSI KEBUN RAYA BOGOR BERDASARKAN KARAKTER
MOLEKULER DAN MORFOLOGI**

SKRIPSI



**Diajukan untuk Memenuhi Sebagian Syarat Guna
Memperoleh Gelar Sarjana Sains (S.Si) dalam Ilmu Biologi**

IRDA AYU FEBRIANI

NIM 2108016006

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO
SEMARANG
2025**

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertandatangan di bawah ini:

Nama : Irda Ayu Febriani

NIM : 2108016006

Program Studi : Biologi

Menyatakan bahwa skripsi yang berjudul:

**Identifikasi Dua Jenis *Syzygium* asal Papua Koleksi Kebun
Raya Bogor Berdasarkan Karakter Molekuler dan
Morfologi**

Secara keseluruhan adalah hasil penelitian/karya saya sendiri,
kecuali bagian tertentu yang dirujuk sumbernya.

Semarang, 15 Januari 2025

Penulis



Irda Ayu Febriani

NIM. 2108016006



KEMENTERIAN AGAMA RI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
Jl. Prof. Dr. Hamka Ngaliyan, Semarang
Telp. 024-7601295 fax.7615387

PENGESAHAN

Judul : Identifikasi Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua
Koleksi Kebun Raya Bogor Berdasarkan
Karakter Molekuler dan Morfologi

Penulis : Irda Ayu Febriani

NIM : 2108016006

Jurusan : S1 Biologi

Telah diujikan dalam sidang tugas akhir oleh Dewan Penguji
Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang dan
dapat diterima sebagai salah satu syarat memperoleh gelar
sarjana dalam ilmu Biologi.

Semarang, 31 Januari

DEWAN PENGUJI

Penguji I

Niken Kusumarini, M.Si.

NIP. 198902232019032015

Penguji II

TT ELEKTRONIK

Irfan Martiansyah, M.Si.

NIP. 198503032019021002

Penguji III

Asri Febriana, M.Si.

NIP. 198902012019032015

Penguji IV

Hafidha Asni Akmalia, M.Sc.

NIP. 198908212019032013

Pembimbing I

Niken Kusumarini, M.Si.

NIP. 198902232019032015

Pembimbing II

TT ELEKTRONIK

Irfan Martiansyah, M.Si.

NIP. 198503032019021002

NOTA DINAS

Semarang, 03 Januari 2025

Yth. Ketua Program Studi Biologi
Fakultas Sains dan Teknologi
UIN Walisongo Semarang

Assalamu'alaikum Wr. Wb.

Dengan ini diberitahukan bahwa saya telah melakukan bimbingan, arahan dan koreksi naskah skripsi dengan:

Judul : Identifikasi Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua
Koleksi Kebun Raya Bogor Berdasarkan
Karakter Molekuler dan Morfologi

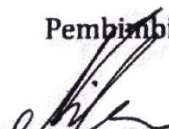
Penulis : Irda Ayu Febriani

NIM : 2108016006

Program studi : Biologi

Saya memandang bahwa naskah skripsi tersebut sudah dapat diajukan kepada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang untuk diujikan dalam Sidang Munaqosyah.
Wassalamu'alaikum Wr. Wb.

Pembimbing I



Niken Kusumarini, M.Si.

NIP. 198902232019032015

NOTA DINAS

Semarang, 03 Januari 2025

Yth. Ketua Program Studi Biologi
Fakultas Sains dan Teknologi
UIN Walisongo Semarang

Assalamu'alaikum Wr. Wb.

Dengan ini diberitahukan bahwa saya telah melakukan bimbingan, arahan dan koreksi naskah skripsi dengan:

Judul : Identifikasi Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua
Koleksi Kebun Raya Bogor Berdasarkan
Karakter Molekuler dan Morfologi

Penulis : Irda Ayu Febriani

NIM : 2108016006

Program studi : Biologi

Saya memandang bahwa naskah skripsi tersebut sudah dapat diajukan kepada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang untuk diujikan dalam Sidang Munaqosyah.

Wassalamu'alaikum Wr. Wb.

Pembimbing II

Irfan Martiansyah, M.Si.



TT ELEKTRONIK

NIP. 198503032019021002

MOTTO HIDUP

"Maka, sesungguhnya beserta kesulitan ada kemudahan.
Sesungguhnya beserta kesulitan ada kemudahan" – Q.S. Al
Insyirah (5-6)

ABSTRAK

Syzygium merupakan genus yang sangat beragam dalam famili Myrtaceae yang terdiri dari sekitar 1.200-1.800 spesies. Di Kebun Raya Bogor terdapat dua spesies *Syzygium* asal Papua yang belum teridentifikasi jenisnya. Identifikasi spesies koleksi di KRB penting dilakukan, mengingat fungsinya sebagai lembaga konservasi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor hingga tingkat spesies dengan pendekatan molekuler dan pendekatan morfologi. Penelitian ini dilakukan dari bulan Januari hingga Desember 2024. Tahapan penelitian terdiri dari pengambilan sampel, isolasi DNA, amplifikasi, elektroforesis, karakterisasi morfologi, pengambilan gambar herbarium kering *Syzygium* asal Papua koleksi BO, dan analisis data. Analisis data molekuler dilakukan dengan menganalisis profil sekuen *matK* dan *ITS* serta pembuatan pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan *Tamura 3-parameter (matK)* dan *Tamura-Nei + Gamma (ITS)*. Analisis data morfologi dilakukan dengan merekonstruksi fenogram dan analisis PCA dengan *software* PAST 4.06. Hasil pohon filogenetik *matK* menunjukkan *Syzygium* sp. (V.B.153) termasuk genus *Syzygium* dan berkerabat dekat dengan *S. pachycladum* dengan nilai *bootstrap* 91. Pohon filogenetik *region ITS* menempatkan *Syzygium* sp. (V.B.153) dalam subgenus *Syzygium*. Pohon filogenetik *matK* dan *ITS* menunjukkan *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk genus *Decaspermum*. Karakterisasi morfologi menunjukkan kemiripan karakter antara *Syzygium* (V.B.153) dengan *S. pachycladum* terutama dengan adanya tunas pada ujung daun. *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki kemiripan morfologi dengan *D. humile*, *D. gracilentum* dan *D. fruticosum*.

Kata kunci: *Decaspermum*, identifikasi molekuler, karakterisasi morfologi, *Syzygium*, *Syzygium pachycladum*

ABSTRACT

Syzygium is a very diverse genus in the Myrtaceae family consisting of about 1,200-1,800 species. At Bogor Botanic Garden there are two species of *Syzygium* from Papua that have not been identified. Identification of species collection in KRB is important, considering its function as a conservation institution. This study aims to identify two species of *Syzygium* from Papua in the Bogor Botanical Garden collection to the species level using molecular and morphological approaches. This research was conducted from January to December 2024. The research stages consisted of sampling, DNA isolation, amplification, electrophoresis, morphological characterization, taking pictures of dried herbarium of *Syzygium* from Papua collection of BO and data analysis. Molecular data analysis was carried out by analyzing *matK* and *ITS* sequence profiles and making phylogenetic trees using the Neighbor-Joining (NJ) method with Tamura 3-parameter (*matK*) and Tamura-Nei + Gamma (*ITS*). Morphological data analysis was carried out by reconstructing phenograms and PCA analysis with PAST 4.06 software. The *matK* phylogenetic tree results show *Syzygium* sp. (V.B.153) belongs to the genus *Syzygium* and is closely related to *S. pachycladum* with a bootstrap value of 91. The *ITS* region phylogenetic tree places *Syzygium* sp. (V.B.153) in the subgenus *Syzygium*. The *matK* and *ITS* phylogenetic trees show *Syzygium* sp. (V.C.122) belongs to the genus *Decaspermum*. Morphological characterization shows the similarity of characters between *Syzygium* (V.B.153) and *S. pachycladum*, especially with the presence of buds at the ends of the leaves. *Syzygium* sp. (V.C.122) has morphological similarities with *D. humile*, *D. gracilentum* and *D. fruticosum*.

Keywords: *Decaspermum*, molecular identification, morphological characterization, *Syzygium*, *Syzygium pachycladum*

TRANSLITERASI ARAB-LATIN

Penulisan skripsi ini mengikuti pedoman transliterasi huruf arab latin SKB (Sesuai Keputusan Bersama) Menteri Agama dan Menteri Pendidikan dan Menteri Kebudayaan RI. Nomor: 158 tahun 1987 dan Nomor: 0543b/U/1987 sebagai berikut:

أ	A	ط	T
ب	B	ظ	Z
ت	T	ع	'
ث	S	غ	G
ج	J	ف	F
ح	H	ق	Q
خ	KH	ك	K
د	D	ل	L
ذ	Z	م	M
ر	R	ن	N
ز	Z	و	W
س	S	ه	H
ش	SY	ء	'
ص	S	ي	Y
ض	D		

Keterangan penulisan kata sandang (Al-) dalam teks ditulis menyesuaikan rujukan.

KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan kehadirat Allah SWT atas segala rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan penulisan skripsi ini. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dua jenis tumbuhan *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dengan menggunakan pendekatan molekuler, khususnya DNA *barcoding region ITS* dan *matK* dan morfologi. Skripsi ini disusun sebagai salah satu persyaratan untuk menyelesaikan studi di Program Studi Biologi, Universitas Islam Negeri Walisongo Semarang. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi referensi bagi penelitian selanjutnya terkait taksonomi tumbuhan *Syzygium*.

Shalawat dan salam semoga selalu tercurah kepada Nabi Muhammad SAW. Penulis menyadari bahwa keberhasilan dalam menyelesaikan skripsi ini tidak terlepas dari bantuan dan dukungan berbagai pihak, khususnya kepada:

1. Bapak Prof. Dr. Nizar, M.Ag. selaku rektor UIN Walisongo Semarang;
2. Bapak Prof. Dr. H. Musahadi, M.Ag. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang;
3. Ibu Dr. Dian Ayuning Tyas, M.Biotech. selaku Ketua Program Studi Biologi UIN Walisongo Semarang;

4. Ibu Galih Kholifatun Nisa' M.Si selaku Sekretaris Program Studi Biologi UIN Walisongo Semarang;
5. Ibu Niken Kusumarini, M.Si. selaku Pembimbing Skripsi I yang selalu siap sedia dalam memberikan bimbingan, arahan sekaligus menyalurkan ilmu-ilmunya;
6. Bapak Irfan Martiansyah, M.Si. selaku Pembimbing Skripsi II yang selalu siap sedia dalam memberikan bimbingan, arahan sekaligus menyalurkan ilmu-ilmunya;
7. Ibu Dr. Baiq Farhatul Wahidah, M.Si. selaku dosen wali yang telah memberikan bimbingan dan arahan selama masa perkuliahan;
8. Seluruh jajaran civitas akademik UIN Walisongo Semarang, khususnya Ibu dan Bapak dosen Program Studi Biologi yang telah memberikan dukungan selama penulis menempuh perkuliahan;
9. Peneliti di Laboratorium Terpadu Kebun Raya Bogor BRIN yang telah memberikan bimbingan selama penulis melaksanakan kerja praktik dan penelitian;
10. Kedua orang tua yaitu Bapak Toni Bintoro dan Ibu Eni Fatonah, serta adik yaitu Refan Reski Fahreza dan Indriani Putri Anjelita yang telah memberikan doa, dukungan, dan kasih sayang tanpa batas selama penulis menempuh pendidikan;

11. Teman-teman seperjuangan Biologi angkatan 2021 khususnya Laily Fauziyah, Athiva Aztiana, Yunita Widya Sri Utami, Ahmad Juwarsyah dan Alfi Syaifuddin yang telah kebersamai selama masa perkuliahan, kerja praktik, asistensi praktikum dan menjadi tempat berbagi ilmu;
12. Semua pihak yang telah membantu dalam proses penelitian dan penulisan skripsi baik secara langsung maupun tidak langsung.

Penulis menyadari bahwa skripsi ini masih memiliki banyak kekurangan baik dalam isi maupun struktur. Semoga karya ini dapat memberikan kontribusi positif bagi penulis dan pembaca dalam memperkaya wawasan ilmu pengetahuan.

Semarang, 15 Januari 2025

Penulis

Irda Ayu Febriani

NIM. 2108016006

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL.....	i
PERNYATAAN KEASLIAN	ii
PENGESAHAN.....	iii
NOTA DINAS.....	iv
NOTA DINAS.....	v
MOTTO HIDUP	vi
ABSTRAK.....	vii
ABSTRACT	viii
TRANSLITERASI ARAB-LATIN.....	ix
KATA PENGANTAR	x
DAFTAR ISI.....	xiii
DAFTAR TABEL	xv
DAFTAR GAMBAR	xvii
DAFTAR LAMPIRAN	xix
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang Masalah.....	1
B. Rumusan Masalah	7
C. Tujuan Penelitian	7
D. Manfaat Penelitian	8
BAB II LANDASAN PUSTAKA.....	10
A. Tinjauan Pustaka	10
B. Kajian Penelitian yang Relevan.....	27
C. Kerangka Berpikir	41

BAB III METODE PENELITIAN	43
A. Jenis dan Pendekatan Penelitian.....	43
B. Tempat dan Waktu Penelitian	43
C. Sumber Data	44
D. Metode dan Instrumen Pengumpulan Data.....	45
E. Analisis Data	62
F. Alur Kerja	65
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	66
A. Analisis Profil Sekuen <i>matK</i> dan <i>ITS</i> pada Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor	66
B. Hubungan Filogenetik Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor Berdasarkan Karakter Molekuler.	99
C. Deskripsi Karakter Morfologi <i>Syzygium</i> Asal Papua.....	108
D. Kontribusi Kejelasan Identitas Spesies Dalam Upaya Konservasi Spesies Melalui Proses Identifikasi.	138
BAB V KESIMPULAN.....	141
A. Kesimpulan.....	141
B. Saran.....	143
DAFTAR PUSTAKA	144
LAMPIRAN	153
DAFTAR RIWAYAT HIDUP	180

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan.....	27
Tabel 3.1 Karakter Morfologi Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor.....	48
Tabel 3.2 Karakter Morfologi Herbarium Kering <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense.....	49
Tabel 3.3 Spesimen Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense.....	51
Tabel 3.4 Komposisi PCR untuk Perbanyakan Sampel dengan Primer <i>matK</i>	56
Tabel 3.5 Komposisi PCR untuk Perbanyakan Sampel dengan Primer <i>ITS</i>	57
Tabel 4.1 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) <i>Region matK</i> terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov).....	73
Tabel 4.2 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Region matK</i> terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov).....	74
Tabel 4.4 Jarak Genetik Myrtaceae pada <i>Region matK</i> dengan <i>Software</i> MEGA11	81
Tabel 4.6 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Region ITS</i> terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov).....	87
Tabel 4.7 Hasil Analisis Komposisi Nukleotida Myrtaceae pada <i>Region ITS</i> dengan <i>Software</i> MEGA11.....	92
Tabel 4.8 Jarak Genetik Myrtaceae pada <i>Region ITS</i> dengan <i>Software</i> MEGA11	95
Tabel 4.8 Lanjutan Jarak Genetik Myrtaceae pada <i>Region ITS</i> dengan <i>Software</i> MEGA11	97
Tabel 4.8 Lanjutan Jarak Genetik Myrtaceae pada <i>Region ITS</i> dengan <i>Software</i> MEGA11	98
Tabel 4.9 Karakter Morfologi Dua Jenis <i>Syzygium</i> asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor.....	109
Tabel 4.10 Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua.....	118

Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua	119
Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua	120
Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua	121
Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua	122
Tabel 4.11 Karakter Herbarium <i>Syzygium</i> dan <i>Decaspermum</i>	130

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Kebun Raya Bogor.....	11
Gambar 2.2 Sumber DNA <i>Barcode</i>	19
Gambar 2.3 Bagan Alir Penelitian.....	42
Gambar 3.1 Lokasi Penelitian	44
Gambar 3.2 Pengukuran Panjang Daun dan Lebar Daun.....	61
Gambar 3.3 Pengukuran Ranting	62
Gambar 3.4 Alur Kerja	65
Gambar 4.1 Visualisasi DNA Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua Menggunakan Primer <i>matK</i>	67
Gambar 4.2 Visualisasi DNA Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua Menggunakan Primer <i>ITS</i>	67
Gambar 4.3 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) <i>Forward</i> <i>Region matK</i>	70
Gambar 4.4 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) <i>Reverse</i> <i>Region matK</i>	71
Gambar 4.5 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Forward</i> <i>Region matK</i>	71
Gambar 4.6 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Reverse</i> <i>Region matK</i>	72
Gambar 4.7 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) <i>Forward</i> <i>region ITS</i>	84
Gambar 4.8 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) <i>Reverse</i> <i>region ITS</i>	84
Gambar 4.9 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Forward</i> <i>region ITS</i>	85
Gambar 4.10 Kromatogram <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) <i>Reverse</i> <i>region ITS</i>	85
Gambar 4.11 Pohon Filogenetik Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua dan Sekuen Referensi pada <i>Region matK</i>	101
Gambar 4.12 Pohon Filogenetik Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua dan Sekuen Referensi pada <i>Region ITS</i>	105
Gambar 4.15 Morfologi <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor.....	112

Gambar 4.16 Morfologi <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor.....	113
Gambar 4.17 Daun Muda Dua Jenis <i>Syzygium</i> asal Papua.....	114
Gambar 4.18 Variasi Bentuk Daun Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua	115
Gambar 4.19 Pertulangan Daun <i>Syzygium</i>	116
Gambar 4.20 Variasi Bentuk Ranting dan Permukaan Batang pada Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua.....	117
Gambar 4.21 Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense.....	124
Gambar 4.21 Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense.....	125
Gambar 4.21 Herbarium <i>Syzygium</i> Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense.....	126
Gambar 4.22 Variasi Morfologi Bentuk Daun Herbarium <i>Syzygium</i>	127
Gambar 4.23 Variasi Morfologi Ujung dan Pangkal Daun Herbarium <i>Syzygium</i>	128
Gambar 4.24 Variasi Morfologi Bentuk dan Permukaan Ranting Herbarium <i>Syzygium</i>	128
Gambar 4.25 Herbarium <i>Syzygium</i> dan <i>Decaspermum</i>	131
Gambar 4.26 Perbandingan Karakter Morfologi <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) dengan Herbarium Kering <i>S. pachycladum</i>	132
Gambar 4.27 Perbandingan Karakter Morfologi <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) dengan Herbarium Kering <i>Decaspermum</i>	133
Gambar 4.28 Fenogram Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua dan 36 Herbarium Kering <i>Syzygium</i> dan <i>Decaspermum</i>	134
Gambar 4.29 Scatter Plot Karakter Morfologi Hasil PCA Dua Jenis <i>Syzygium</i> Asal Papua dan 36 Herbarium Kering <i>Syzygium</i> dan <i>Decaspermum</i>	137
Gambar 4.30 Peta Persebaran <i>S. pachycladum</i>	139

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Sekuen <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	153
Lampiran 2. Sekuen <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)	158
Lampiran 3. Hasil BLAST Sekuen <i>matK</i> <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) di NCBI	163
Lampiran 4. Hasil BLAST Sekuen <i>matK</i> <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) di NCBI	164
Lampiran 5. Hasil BLAST Sekuen <i>ITS</i> <i>Syzygium</i> sp. (V.B.153) di NCBI	164
Lampiran 6. Hasil BLAST Sekuen <i>ITS</i> <i>Syzygium</i> sp. (V.C.122) di NCBI	165
Lampiran 7. Hasil <i>Alignment</i> Sekuen <i>matK</i>	165
Lampiran 8. Hasil <i>Alignment</i> Sekuen <i>ITS</i>	168
Lampiran 9. Situs <i>Conserve</i> Hasil <i>Alignment</i> 33 Sekuen <i>Myrtaceae Region matK</i>	173
Lampiran 10. Situs <i>Variable</i> Hasil <i>Alignment</i> 33 Sekuen <i>Myrtaceae Region matK</i>	174
Lampiran 11. Situs <i>Conserve</i> Hasil <i>Alignment</i> 20 Sekuen <i>Myrtaceae Region ITS</i>	174
Lampiran 12. Situs <i>Variable</i> Hasil <i>Alignment</i> 20 Sekuen <i>Myrtaceae Region ITS</i>	175
Lampiran 13. Pencarian Parameter Sekuen <i>matK</i>	175
Lampiran 14. Pencarian Parameter Sekuen <i>ITS</i>	176
Lampiran 15. Hasil Skoring Morfologi	176
Lampiran 16. Dokumentasi Penelitian	178

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang Masalah

Indonesia terletak di kawasan Asia Tenggara dan merupakan negara megabiodiversitas yang memiliki keanekaragaman hayati terbesar kedua di dunia setelah Brazil (Bappenas, 2016). Syarat bagi sebuah negara agar dapat disebut negara megabiodiversitas adalah kepemilikan kekayaan spesies endemik yang tinggi, keberagaman ekosistem yang luas, serta memiliki infrastruktur data biodiversitas yang kuat dan transparan (Canhos *et al.*, 2015). Keberagaman tumbuhan tropis memiliki peran vital dalam menjaga keseimbangan ekosistem serta menyediakan sumber daya alam bagi kebutuhan pangan, obat-obatan, dan industri lainnya. Salah satu famili tumbuhan yang memiliki keragaman tinggi adalah famili Myrtaceae yang terdiri dari beberapa genus, salah satunya yaitu genus *Syzygium* (Wagner *et al.*, 2022).

Genus *Syzygium* merupakan takson yang sangat beragam, terdapat 1.200 – 1.800 spesies yang terdistribusi secara luas di wilayah tropis dan subtropis (Mudiana, 2016; Martiansyah, 2021). *Syzygium* banyak ditemukan di

kawasan Indonesia Tengah dan Timur, terutama di wilayah Maluku dan Papua. Terdapat 195 spesies *Syzygium* di kawasan Papua (Govaerts *et al.*, 2017). Anggota genus *Syzygium* umumnya berupa pohon, daunnya berhadapan dan berbentuk elips hingga oblong, serta aroma khas mirip jambu saat diremas (Mudiana, 2016). Genus *Syzygium* menunjukkan keragaman yang tinggi dalam hal kultivar, komposisi metabolit, dan potensi bioaktivitas (Mukaromah, 2020). *Syzygium* merupakan sumber senyawa metabolit sekunder yang kaya, termasuk flavonoid, alkaloid, tanin, dan terpenoid. Senyawa-senyawa ini memiliki potensi besar dalam pengembangan obat-obatan alami, khususnya untuk mengatasi peradangan, nyeri, dan infeksi jamur (Kumajas *et al.*, 2018).

Meningkatnya ancaman kerusakan habitat dan eksploitasi berlebih menyebabkan pentingnya melestarikan dan mengidentifikasi spesies tumbuhan (Fay & Chase, 2020). *International Union for Conservation of Nature Red List* menempatkan 1 spesies *Syzygium* dalam kategori punah yaitu *Syzygium humblotii*. Sebanyak 104 spesies *Syzygium* berada dalam kategori terancam kritis, 142 spesies terancam punah dan 102 spesies berada dalam kategori rentan (IUCN, 2024).

Kebun Raya Bogor merupakan kawasan konservasi tumbuhan secara *ex-situ* dan memiliki banyak kekayaan sumber daya genetik berupa keanekaragaman tumbuhan (Kebun Raya Bogor, 2024). Terdapat banyak tumbuhan koleksi maupun tumbuhan non koleksi yang tumbuh di Kebun Raya Bogor salah satunya yaitu *Syzygium*. Namun, belum semua anggota genus *Syzygium* teridentifikasi jenisnya, salah satunya yaitu dua jenis *Syzygium* yang berasal dari Papua. Penyebabnya yaitu karena tumbuhan koleksi *Syzygium* asal Papua yang ditanam di Kebun Raya Bogor pada awalnya masih berupa bibit dan hingga kini tumbuhan tersebut belum pernah berbunga dan berbuah.

Klasifikasi genus *Syzygium* merupakan tantangan yang kompleks karena *Syzygium* memiliki sedikit ciri morfologi yang secara konsisten mengategorikannya ke dalam kelompok spesies tertentu. Tumpang tindih nama *Syzygium* dengan *Eugenia* juga mendukung hal ini (Craven & Biffin dalam Irawan *et al.*, 2016). Selain itu, jumlah data taksonomi dan morfologi yang terbatas menyebabkan banyak spesies dalam genus ini belum tercatat atau teridentifikasi dengan baik (Ashton, 2018). Identifikasi spesies yang baik diperlukan untuk menilai dan memahami keanekaragaman hayati dan mendukung langkah konservasi (Kürzel *et al.*, 2022). Data hasil identifikasi

dapat digunakan untuk berbagai tujuan konservasi, mulai dari pemantauan populasi hingga evaluasi efektivitas rencana pengelolaan (Austen *et al.*, 2016; Sutherland *et al.*, 2015).

Identifikasi pada tumbuhan dapat dilakukan melalui pendekatan morfologi seperti pengamatan langsung pada spesimen segar ataupun pada spesimen herbarium (Zahro, 2016). Karakter vegetatif dan generatif tumbuhan dapat diamati untuk pengamatan morfologi (Martinez *et al.*, 2023). Herbarium merupakan koleksi spesimen tumbuhan kering yang disusun secara taksonomi, berfungsi sebagai referensi untuk identifikasi tumbuhan berdasarkan ciri-ciri morfologinya (Susilo, 2015). Herbarium Bogoriense memiliki koleksi tumbuhan terlengkap dan tertua di Asia Tenggara. Herbarium Bogoriense memiliki lebih dari 2 juta spesimen yang dikumpulkan (Kemensekneg RI, 2018).

Pendekatan morfologi lebih efektif ketika tumbuhan berada pada fase reproduktif dan adanya variasi individu dalam satu spesies seringkali menjadi tantangan dalam identifikasi yang akurat (Virgilio *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019). Untuk mengatasi hal ini, pendekatan molekuler khususnya DNA *barcoding* sangat diperlukan (Yang *et al.*, 2018; Saddhe & Kumar, 2018). Pendekatan molekuler tidak hanya meningkatkan akurasi identifikasi

spesies, tetapi juga memberikan wawasan yang lebih mendalam tentang hubungan evolusi antarspesies (Nurfadilah *et al.*, 2017).

Gen *matK* sering digunakan dalam identifikasi spesies karena merupakan gen standar untuk penentuan *barcode* DNA tanaman (Combik *et al.*, 2015; Mokoagow *et al.*, 2015; Irawan *et al.*, 2016; Chen *et al.*, 2020; Li *et al.*, 2022). Gen *matK* dikenal sebagai salah satu gen yang paling variabel diantara gen kloroplas lainnya. Variasi yang cukup tinggi ini memungkinkan identifikasi spesies dengan baik, terutama pada tingkat genus dan spesies (Dong *et al.*, 2015). Selain itu, urutan gen *matK* yang konservatif dalam kelompok tertentu mempermudah proses amplifikasi, yang sangat penting dalam studi taksonomi tumbuhan (Hollingsworth *et al.*, 2016). Penelitian yang dilakukan Roslim *et al.* (2016) juga menyarankan penggunaan gen *matK* dalam identifikasi *Syzygium*.

Gen *ITS* (*Internal Transcribed Spacer*) banyak digunakan dalam identifikasi spesies (Buys *et al.*, 2016; Yulisma *et al.*, 2018; Eberhardt, 2019; Chen *et al.*, 2020; Chen *et al.*, 2023). Gen ini memiliki tingkat evolusi yang cepat dan variasi nukleotida yang tinggi, terutama pada tingkat spesies. Gen *ITS* efektif untuk membedakan spesies yang berkerabat dekat atau spesies yang sulit dibedakan

secara morfologi (Yang *et al.*, 2020). Gen *ITS* telah terbukti memberikan data filogenetik yang kuat di berbagai kelompok tumbuhan, terutama karena primer universalnya yang mudah digunakan untuk berbagai spesies (Eberhardt, 2019).

Dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor belum pernah diidentifikasi hingga tingkat jenis dikarenakan tumbuhan ini belum pernah berbunga dan berbuah. Penggunaan tunggal metode morfologi atau molekuler saja tidaklah cukup untuk identifikasi dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor secara akurat. Oleh karena itu, perlu dilakukan identifikasi pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dengan melibatkan pendekatan gabungan antara karakterisasi morfologi pada spesimen segar dan herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi koleksi Herbarium Bogoriense serta pendekatan molekuler dengan DNA *barcoding* pada *region matK* dan *ITS*. Diharapkan dengan digunakannya pendekatan ini dapat mengidentifikasi *Syzygium* hingga tingkat spesies.

B. Rumusan Masalah

1. Bagaimana profil sekuen *matK* dan *ITS* pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor?
2. Bagaimana hubungan kekerabatan filogenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor berdasarkan karakter molekuler DNA *barcoding*?
3. Bagaimana karakter morfologi dan hubungan kekerabatan fenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dibandingkan dengan herbarium kering *Syzygium* asal Papua koleksi Herbarium Bogoriense?
4. Bagaimana kejelasan identitas spesies dapat berkontribusi pada upaya konservasi spesies melalui proses identifikasi?

C. Tujuan Penelitian

1. Menganalisis profil sekuen *matK* dan *ITS* pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor.
2. Mendeskripsikan hubungan kekerabatan filogenetik sebagai acuan identifikasi dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor.
3. Mendeskripsikan karakter morfologi dan hubungan kekerabatan fenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dibandingkan dengan

herbarium kering *Syzygium* asal Papua koleksi Herbarium Bogoriense.

4. Menjelaskan kontribusi kejelasan identitas spesies pada upaya konservasi spesies melalui proses identifikasi.

D. Manfaat Penelitian

A. Manfaat Teoritis

- a. Memberikan informasi profil sekuen *ITS* dan *matK* pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor.
- b. Memberikan informasi hubungan filogenetik dan fenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua yang bisa digunakan untuk penelitian selanjutnya.
- c. Memberikan informasi karakter morfologi dua jenis *Syzygium* asal Papua yang dapat digunakan sebagai pembeda antar jenis.
- d. Memberikan informasi mengenai kejelasan identitas spesies dapat berkontribusi pada upaya konservasi keanekaragaman hayati.

B. Manfaat Praktis

- a. Bagi Penulis
Memperdalam pengetahuan terutama dalam bidang botani, molekuler, dan bioinformatika serta

meningkatkan keterampilan karakterisasi spesies dan keterampilan laboratorium.

b. Bagi Masyarakat

Memberikan informasi terkait penamaan tumbuhan agar tidak terjadi ketidaktepatan pemanfaatan tumbuhan *Syzygium* dan berbagi pengetahuan terkait status konservasi *Syzygium* untuk mendorong masyarakat dalam upaya pelestariannya.

c. Bagi Universitas dan Program Studi Biologi

Sebagai upaya kontribusi untuk merealisasikan visi misi Universitas Islam Negeri Walisongo sebagai universitas islam riset terdepan. Mendukung visi misi program studi biologi dalam pengembangan pengelolaan sumber daya hayati tropis berkelanjutan yang berlandaskan kesatuan ilmu pengetahuan untuk kemanusiaan dan peradaban.

d. Bagi Kebun Raya Bogor

Sebagai upaya karakterisasi dan konservasi tumbuhan secara molekuler dan morfologi untuk mendapatkan informasi akurat.

BAB II

LANDASAN PUSTAKA

A. Tinjauan Pustaka

1. Profil Kebun Raya Bogor

Kebun Raya Bogor merupakan salah satu kebun raya tertua di wilayah Asia Tenggara dan merupakan pusat penelitian botani di Indonesia. Berdiri sejak tahun 1816, Kebun Raya Bogor menjadi rumah bagi lebih dari 15.000 spesies tanaman dari berbagai belahan dunia, yang menjadikannya sebagai salah satu pusat keanekaragaman hayati yang paling penting di Asia Tenggara (Prasetyo *et al.*, 2017). Kebun Raya Bogor memiliki koleksi tanaman tropis dan dibangun dengan sistematis sesuai penamaan famili tumbuhan. Selain koleksi tanaman yang sudah teridentifikasi, Kebun Raya Bogor juga menjadi tempat penemuan spesies-spesies baru yang belum diketahui jenisnya. Penelitian terus menerus dilakukan untuk mengidentifikasi spesies-spesies ini. Misalnya, dalam beberapa tahun terakhir, para peneliti telah menemukan beberapa spesies baru dari kelompok anggrek dan palem yang sebelumnya belum terdeskripsi secara ilmiah (Mulyaningsih *et al.*, 2020).



Gambar 2.1 Kebun Raya Bogor (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

Kebun Raya Bogor memiliki peran penting dalam konservasi tumbuhan. Selain sebagai pusat penelitian, Kebun Raya Bogor juga bertindak sebagai bank genetik bagi tanaman-tanaman langka dan terancam punah. Salah satu upaya konservasi yang dilakukan adalah konservasi *ex-situ*, yaitu mengonservasi spesies di luar habitat aslinya dengan cara menanamnya di Kebun Raya (Kusmana, 2016).

Kebun Raya Bogor juga berkolaborasi dengan berbagai lembaga internasional dalam upaya konservasi global dan penelitian biodiversitas. Kerjasama ini melibatkan pertukaran informasi, spesimen, serta dukungan teknologi dan sumber daya manusia. Hal ini memperkuat posisi Kebun Raya Bogor sebagai pusat penelitian dan konservasi tumbuhan di kawasan Asia-Pasifik (Hidayat *et al.*, 2018).

2. Genus *Syzygium*

a. Karakteristik

Genus *Syzygium* memiliki memiliki daun yang sempit, tangkai daun yang pendek, dan ranting yang lentur, serta daun yang berdesakan di ujung ranting (Soh *et al.*, 2017). Habitusnya berupa pohon, daunnya tersusun berhadapan dan jika diremas mengeluarkan bau yang khas jambu/kelat (Mudiana, 2016). Daun berbentuk oblong-*elliptic* hingga lanset dengan ukuran yang cukup beragam, umumnya berkisar antara 6-30 cm dan lebarnya antara 4-15 cm (Mukaromah, 2020; Rahma *et al.*, 2023). Permukaan *adaxial* (atas) daun umumnya berwarna hijau tua, sementara permukaan *abaxial* (bawah) cenderung lebih pucat dengan warna hijau muda. Panjang *petiole* (tangkai daun) berkisar antara 0,5-1 cm (Ismail *et al.*, 2019). Pertulangan daun menyirip dan memiliki *intramarginal vein*, bunganya memiliki banyak benang sari, perhiasan bunganya cepat gugur, tipe perbungaannya *panicle*, muncul diketiak daun agak diujung ranting atau pada ketiak daun yang telah gugur, bunga dan buahnya memiliki tangkai yang pendek bahkan

sesile, buah bertipe *berry*, berbentuk bulat, genta ataupun lonjong (Mudiana, 2016).

b. Habitat

Syzygium dapat tumbuh di berbagai tipe habitat. Umumnya, *Syzygium* tumbuh di hutan hujan, namun dapat tumbuh dengan baik di hampir semua vegetasi seperti hutan bambu, rawa gambut, padang rumput, dataran rendah, savana, hutan pegunungan dan vegetasi semak. Beberapa spesies dapat tumbuh di habitat ekstrim seperti batu kapur dan ultrabasa (Mudiana, 2016). Contohnya *S. aqueum* dan *S. polyanthum* yang tumbuh di dataran rendah, *S. cumini* yang tumbuh di pekarangan dan lahan kering, *S. acuminatissimum* yang tumbuh di rawa gambut serta *S. pichanthum* yang tumbuh di lereng gunung (Rosannah *et al.*, 2015; Mudiana, 2017; Partomihardjo *et al.*, 2020; Nabu *et al.*, 2024).

c. Persebaran

Myrtaceae merupakan famili yang memiliki banyak spesies dan banyak variasi genus. *Syzygium*, *Psidium*, dan *Eugenia* adalah genus yang paling banyak ditanam dalam keluarga Myrtaceae. *Syzygium* adalah salah satu genus terbesar dan keragaman tinggi dalam famili Myrtaceae yang

terdiri dari sekitar 1.200-1.800 spesies. Tercatat lebih dari 300 jenis *Syzygium* tersebar di Indonesia. Tercatat 1.200 jenis *Syzygium* yang tersebar luas di Asia Selatan, Asia Tenggara, Australia, dan New Caledonia. Di Afrika, Malagasi dan wilayah barat daya Kepulauan Pasifik, Hawaii, dan di Selandia Baru juga ditemukan beberapa jenis *Syzygium* (Mudiana, 2016).

Keanekaragaman genus *Syzygium* cukup banyak di luar pulau Jawa, salah satunya di kawasan Papuasia tercatat 195 spesies *Syzygium* (Govaerts *et al.*, 2017). Dalam *International Plant Names Index*, tercatat 1.596 nama jenis *Syzygium* (IPNI, 2024). Di Kebun Raya Bogor terdapat 44 spesies *Syzygium* yang tersebar pada beberapa vak (Martiansyah, 2020).

d. Manfaat

Syzygium merupakan genus yang kaya akan manfaat. Beberapa *Syzygium* menghasilkan buah yang dapat dikonsumsi seperti jambu air (*S. aqueum*), jambu semarang (*S. samarangense*), jambu apel atau jambu bol (*S. malaccensis*), jambu mawar (*S. jambos*) dan duwet (*S. cumini*). Dalam bidang kuliner contohnya yaitu cengkih (*S.*

aromaticum) dan salam (*S. polyanthum*) (Ahmad *et al.*, 2016; Mudiana, 2016).

Secara umum genus *Syzygium* mengandung metabolit sekunder berupa flavonoid, alkaloid, tanin dan terpenoid yang digunakan di dalam dunia pengobatan antara lain untuk anti radang, penahan rasa sakit dan anti jamur (Kumajas *et al.*, 2018). Minyak esensial *S. aromaticum* (CEO) secara tradisional digunakan dalam pengobatan luka bakar dan luka, dan sebagai pereda nyeri dalam perawatan gigi serta mengobati infeksi gigi dan sakit gigi (Batiha *et al.*, 2020).

3. Identifikasi Spesies

a. Identifikasi Berdasarkan Molekuler

Identifikasi spesies tumbuhan secara molekuler telah berkembang pesat dalam beberapa dekade terakhir sebagai solusi atas keterbatasan metode morfologi yang sering kali rentan terhadap variabilitas lingkungan. Teknik molekuler memungkinkan para peneliti untuk mengakses informasi genetik yang tersembunyi, yang memberikan pendekatan lebih akurat dalam membedakan spesies. Terdapat beberapa teknik molekuler yang digunakan untuk identifikasi

spesies tumbuhan diantaranya RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), SSR (*Simple Sequence Repeats*), NGS (*Next-Generation Sequencing*) dan DNA *barcoding* (Mishra & Singh, 2020; Brown & Watson, 2021; Zhang & Liu, 2021; Roberts & Green, 2022).

Diantara berbagai teknik molekuler, DNA *barcoding* adalah metode yang paling umum digunakan. DNA *barcoding* merupakan metode identifikasi spesies menggunakan potongan DNA pendek yang disebut *barcode* DNA (Mokoagow *et al.*, 2015). DNA *barcoding* menggunakan nukleotida berbeda yang terletak di lokus gen tertentu yang dapat dengan mudah digandakan dan dibedakan dari spesies lain dengan menentukan perbedaan antara makhluk hidup (Maloukh *et al.*, 2017). DNA bersifat stabil dan dapat ditemukan di semua jaringan (Tnah *et al.*, 2019).

DNA *barcoding* dikenalkan pertama kali pada kalangan ilmuwan oleh Hebert dari Guelph University, di Kanada. Awal mula ide dasar pemanfaatan DNA *barcode* adalah untuk analisis variabilitas marka molekuler terstandar, dapat

memungkinkan untuk membedakan identitas taksa hingga tingkat spesies. Metode ini didasarkan pada asumsi bahwa variasi genetik di antara spesies melebihi variasi di dalam spesies. Analisis DNA *barcode* yang ideal mencerminkan distribusi variabilitas intraspesies dan interspesies, memberikan peluang yang sangat cepat dan akurat sebagai marker untuk identifikasi berbagai variasi taksa dan mengungkapkan beberapa kelompok hewan yang belum diketahui tingkat taksonominya (Rahayu & Nugroho, 2016).

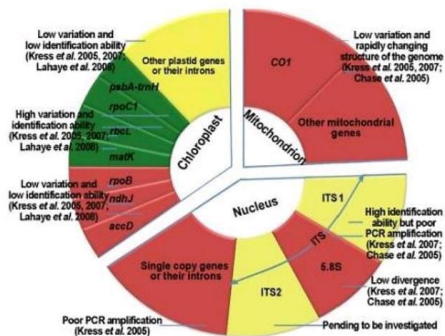
DNA *barcoding* banyak digunakan dalam bidang biologi seperti ekologi, biomedis, epidemiologi, evolusi, konservasi, dan bioindustri. DNA *barcoding* telah lama menjadi alat yang dikenal untuk mengidentifikasi makhluk hidup secara akurat bahkan ketika kondisi fisik spesies tidak sempurna, mengidentifikasi spesies yang tidak diketahui (Letsiou *et al.*, 2024), mengetahui kualitas air, mengidentifikasi serbuk sari yang dikumpulkan dari penyerbuk, melakukan monitoring terhadap penjualan hewan dan tumbuhan langka serta dilindungi, mengetahui

spesies tanaman obat, serta memeriksa produk kesehatan herbal (Lo & Shaw, 2018).

DNA *barcode* dapat dikatakan ideal apabila memiliki sekuens pendek dengan panjang berkisar antara 400-800 pb yang telah terstandarisasi secara internasional guna mengidentifikasi seluruh organisme hidup. Daerah gen yang digunakan harus memiliki informasi filogenetik yang cukup untuk menempatkan spesies yang tidak diketahui dalam kelompok taksonomi yang sesuai. Selain itu, wilayah gen harus sangat kuat dan dapat dengan mudah digandakan dan sekuensing dengan mudah (Hebert *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019; Letsiou *et al.*, 2024).

Karakteristik DNA *barcode* yaitu sekuens DNA bersifat ortolog, memiliki variabilitas yang cukup untuk membedakan antar spesies, dan dapat menunjukkan variabilitas rendah dalam individu yang termasuk spesies yang sama. Pemilihan jenis DNA *barcode* dalam studi taksonomi harus memperhatikan beberapa hal yaitu harus ada dalam semua taksa yang dibandingkan, memiliki pengetahuan tentang gen atau wilayah genom lainnya untuk mengembangkan primer, tingkat

evolusi gen harus sesuai dengan tingkat takson yang diteliti, mudah dilakukan *alignment*, dan bersifat homolog (Kress *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019; Virgilio dalam Rahayu & Jannah, 2019). DNA *barcode* dapat diperoleh dari inti (*nDNA*), kloroplas (*cpDNA*) dan mitokondria (*mtDNA*). Masing-masing sekuen DNA *barcode* memiliki karakteristik yang spesifik. DNA *barcode* inti (*nDNA*) antara lain *ITS*, 18S, 26S, *adh*; sedangkan DNA *barcode* kloroplas antara lain *rbcl*, *ndhF*, *atpB*, *matK*, *rpl16* (Kress *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019).



Gambar 2.2 Sumber DNA Barcode (Sumber: Kress & Erickson dalam Rahayu & Jannah, 2017)

Region barcode yang sering digunakan pada tumbuhan dan berprospek pada *barcoding* salah satunya adalah gen *maturase K* dan *Internal Transcribed Spacer*. Gen *matK* (*maturase K*) yang

terdapat dalam kloroplas, digunakan secara luas dalam studi DNA *barcoding* pada tumbuhan karena divergensinya yang cukup tinggi di antara spesies (Li *et al.*, 2022). Gen *matK* memiliki karakteristik panjang sekuennya sekitar 1500 pb. Gen *matK* digunakan secara efektif untuk mempelajari dan membangun hubungan filogenetik baik secara intraspesifik maupun interspesifik diantara tumbuhan berbunga, *angiosperm*, *bryophyte*, *lycophyte*, *gymnosperm*, dan *monilophyte* (Amandita *et al.*, 2019; Simpson dalam Rahayu & Jannah, 2019). Gen *matK* memiliki laju substitusi yang tinggi, serta variasi kadar asam nukleat yang luas untuk digunakan dalam proses identifikasi tanaman pada tingkat famili hingga spesies. Proses identifikasi spesies menggunakan gen *matK* menunjukkan hasil amplifikasi yang tinggi yaitu sebesar 85% dan sekuensing sebesar 69% sehingga sangat direkomendasikan untuk penggunaan proses amplifikasi beragam jenis tanaman (Kress *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019).

Organisme eukariotik mempunyai dua daerah *ITS* yaitu *ITS-1* terletak di antara 18S gen dan 5.8S

gen, dan *ITS*-2 terletak di antara 5.8S dan 28S gen. Ketiga gen inti tersebut mempunyai tingkat konservasi yang sangat tinggi (Yeng *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019). *ITS* pada daerah 18s-28s r-DNA *nuclear* menjadi fokus utama untuk digunakan pada rekontruksi filogenetik. Gen *ITS* memiliki variasi antarspesies yang cukup signifikan, namun tetap terkonservasi di tingkat yang cukup tinggi, sehingga memungkinkan untuk membedakan spesies bahkan dalam famili tumbuhan berbunga yang kompleks (Chen *et al.*, 2023).

Gen *ITS* sering digunakan dalam menganalisis filogenetika molekuler karena *ITS* memiliki karakteristik unggul dengan memiliki panjang kurang lebih 700 pb dan memiliki salinan yang banyak di genom inti. Selain itu, *ITS* juga memiliki tingkat keberhasilan yang tinggi dalam amplifikasi PCR, sekuensing dua arah (*forward* dan *reverse*) dan tingkat variasi yang tinggi bahkan di antara spesies yang berkaitan erat. Gen *ITS* dinilai sebagai DNA *barcoding* yang menyajikan variabel atau karakter lebih tinggi. Sekuen *ITS* menunjukkan diskriminasi spesies yang tinggi sehingga dapat

digunakan untuk penelitian spesies baru (Letchuman, 2018; Hariri *et al.*, 2021).

DNA sekuensing merupakan metode analitik yang difungsikan untuk membaca informasi genetik dari sekuen DNA (Rosenberg, 2017). DNA sekuensing pertama kali dikembangkan oleh Frederick Sanger beserta timnya. Kemudian dikembangkan lagi oleh Maxam dan Gilbert dengan melakukan pendegradasian fragmen DNA secara kimiawi (Pierce, 2016). Pada akhirnya, model sekuensing DNA Sanger yang banyak digunakan karena memiliki beberapa kelebihan seperti lebih mudah dalam pengaplikasiannya serta teknisnya lebih cepat (Graham & Hill dalam Rahayu & Jannah, 2019). Sekuensing DNA model Sanger didasarkan pada proses replikasi. Metode ini menggunakan substrat khusus untuk melakukan sintesis DNA. DNA biasanya disintesis dari *deoxyribonucleotide triphosphate* (dNTPs), namun pada metode ini, DNA disintesis menggunakan *dideoxyribonucleoside triphosphate* (ddNTP) (Pierce, 2016).

b. Identifikasi Berdasarkan Morfologi

Identifikasi berdasarkan karakter morfologi mengacu pada karakter fisik tumbuhan untuk mengelompokkan dan mengidentifikasi spesies. Metode ini mencakup pengamatan terhadap karakter generatif dan karakter vegetatif yang berbeda pada setiap spesies. Karakter generatif berkaitan dengan bagian reproduksi pada tumbuhan seperti bunga, buah, dan biji. Karakter ini seringkali dianggap lebih spesifik dan stabil sehingga menjadi alat utama dalam identifikasi. Struktur bunga, bentuk buah, dan pola biji efektif digunakan sebagai karakter pembeda antara spesies yang karakter vegetatifnya serupa (Martinez *et al.*, 2023).

Namun, dalam proses identifikasi spesies tidak bisa hanya mengandalkan karakter generatif saja. Hal ini dikarenakan karakter generatif memiliki keterbatasan praktis, terutama ketika tumbuhan belum memasuki fase reproduktif. Dalam kondisi ini, karakter vegetatif seperti bentuk daun, batang, dan akar lebih sering digunakan karena lebih mudah diamati sepanjang tahun. Meskipun demikian, karakter vegetatif cenderung

dipengaruhi oleh faktor lingkungan, seperti cahaya, kelembapan, dan kondisi tanah, yang dapat menyebabkan variasi morfologi pada tumbuhan yang sama. Variabilitas vegetatif ini dapat menyebabkan kesulitan dalam proses identifikasi jika tidak dikombinasikan dengan karakteristik lain yang lebih stabil (Johnson & Thomas, 2022).

Dalam praktiknya, identifikasi spesies tumbuhan melalui morfologi juga sering kali dikaitkan dengan penggunaan spesimen herbarium kering. Herbarium merupakan teknik penyimpanan spesimen tumbuhan kering untuk tujuan dokumentasi dan penelitian taksonomi. Spesimen herbarium kering memungkinkan spesimen untuk disimpan dalam jangka waktu yang lama, sehingga memberikan kesempatan bagi peneliti untuk melakukan perbandingan antarspesimen di masa depan. Spesimen herbarium kering memainkan peran penting dalam melestarikan keanekaragaman tumbuhan serta mendukung penelitian taksonomi jangka panjang (Brown & Williams, 2020).

Namun, penggunaan herbarium kering dalam identifikasi juga memiliki kelemahan. Seiring

berjalannya waktu, spesimen yang dikeringkan dapat mengalami degradasi, terutama pada bagian-bagian yang lebih rapuh seperti bunga atau daun halus, yang dapat menyebabkan hilangnya detail morfologi penting. Spesimen yang dikeringkan dapat kehilangan karakteristik visualnya yang krusial setelah beberapa tahun penyimpanan, sehingga membatasi keefektifannya sebagai alat identifikasi yang andal (Kim & Park, 2021).

4. Identifikasi Tumbuhan dalam Al-Qur'an

Al-Qur'an, sebagai kitab suci umat Islam, tidak hanya membahas akidah, ibadah, akhlak, hukum, dan sejarah, tetapi juga mencakup prinsip-prinsip ilmu pengetahuan dan teknologi. Tumbuhan sering disebut dalam Al-Qur'an, baik dari segi penciptaan, manfaat, maupun keistimewaannya. Salah satu ayat yang relevan dengan identifikasi tumbuhan adalah Q.S. Al-An'am [6] 99 yang berbunyi:

وَهُوَ الَّذِي أَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ نَبَاتَ كُلِّ شَيْءٍ
فَأَخْرَجْنَا مِنْهُ خَضِرًا نُخْرِجُ مِنْهُ حَبًّا مُتَرَاكِبًا وَمِنَ النَّخْلِ مِنْ طَلْعِهَا قِنْوَانٌ
دَانِيَةٌ وَجَنَّاتٍ مِنْ أَعْنَابٍ وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ مُشْتَبِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ انظُرُوا
إِلَى ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَيَنْعِهِ ۚ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَاتٍ لِقَوْمٍ يُؤْمِنُونَ

“Dialah yang menurunkan air dari langit lalu dengannya Kami menumbuhkan segala macam tumbuhan. Maka, darinya Kami mengeluarkan tanaman

yang menghidup. Darinya Kami mengeluarkan butir yang bertumpuk (banyak). Dari mayang kurma (mengurai) tangkai-tangkai yang menjuntai. (Kami menumbuhkan) kebun-kebun anggur. (Kami menumbuhkan pula) zaitun dan delima yang serupa dan yang tidak serupa. Perhatikanlah buahnya pada waktu berbuah dan menjadi masak. Sesungguhnya pada yang demikian itu benar-benar terdapat tanda-tanda (kekuasaan Allah) bagi kaum yang beriman.” (Qur’an Kemenag RI).

Tafsir Thanthawi Jawhari menjelaskan bahwa Allah SWT menurunkan hujan dari langit, yang kemudian memicu pertumbuhan berbagai jenis tanaman. Dari tanaman ini, dihasilkan klorofil yang menjadi awal dari pertumbuhan tangkai pohon yang menghasilkan bulir, seperti padi, gandum, serta buah-buahan seperti kurma, anggur, zaitun, dan delima. Allah mengajak manusia untuk memperhatikan keanekaragaman bentuk, warna, rasa, serta siklus musim dan morfologi tanaman. Al-Baidhawi menambahkan bahwa perbedaan dan kesamaan di antara tanaman tersebut adalah tanda kekuasaan Allah, agar manusia dapat merenunginya (Husni, 2017).

B. Kajian Penelitian yang Relevan

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
1.	Notes on <i>Syzygium</i> (Myrtaceae) in Papua New Guinea/Barry J Conn and Kipiro DQ Damas/Telopea/2015 (Barry & Conn, 2015)	Metode yang digunakan dalam penelitian ini melibatkan pengumpulan dan studi spesimen dari genus <i>Syzygium</i> di Papua New Guinea. Penelitian ini dilakukan selama sebelas tahun dan mencakup pengumpulan spesimen yang morfologisnya berbeda dari taksa yang telah dijelaskan sebelumnya. Selain itu, evaluasi koleksi tambahan diperlukan untuk memahami variasi morfologis dalam setiap spesies baru yang dijelaskan.	Studi ini menemukan empat spesies baru dari genus <i>Syzygium</i> di Papua New Guinea: <i>S. lababiense</i> , <i>S. kuiense</i> , <i>S. cravenii</i> , dan <i>S. pterotum</i> . <i>S. lababiense</i> , yang ditemukan di Provinsi Morobe, adalah pohon kecil hingga 30 meter tinggi dengan infloresensi terminal, sumbu halus, dan buah ungu. <i>S. kuiense</i> , yang juga ditemukan di Provinsi Moro. <i>S. cravenii</i> ditemukan di Provinsi West Sepik, dengan kulit kayu kasar yang mengelupas. Selain itu, penelitian ini mengkaji kembali <i>S. platycarpum</i> , yang belum dikumpulkan sejak tahun 1919.	Kurangnya koleksi spesimen menyebabkan identifikasi banyak spesies <i>Syzygium</i> di Papua New Guinea menjadi sulit dan menghambat pemahaman tentang keragaman dan distribusinya. Spesies baru seperti <i>S. lababiense</i> , <i>S. kuiense</i> , <i>S. cravenii</i> , dan <i>S. pterotum</i> masih belum diketahui status konservasinya. Selain itu, informasi tentang spesies yang sudah dikenal, seperti <i>S.</i>

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
				<i>platycarpum</i> , sangat terbatas karena spesies ini belum ditemukan sejak tahun 1919 di Papua New Guinea dan tahun 1926 di Papua Indonesia. Selain itu, variasi dalam spesies baru mungkin menantang karena keterbatasan dalam identifikasi morfologis. Akibatnya, pengumpulan data lebih lanjut sangat penting untuk meningkatkan pemahaman taksonomi.

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
2.	Estimating the Effectiveness of Species Identification by Sequencing of Two Chloroplast DNA Loci (<i>matK</i> and <i>rbcl</i>) in Selected Groups of Polish Flora/M. Combik, Z. Mirek/DNA Barcodes/2015 (Combik & Mirek, 2015)	Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode PCR langsung dengan menggunakan kit <i>Phire Plant Direct</i> PCR untuk mendapatkan <i>template</i> DNA dari sampel kering. Selain itu, analisis sekuen dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak BioEdit dan MEGA untuk membangun pohon filogenetik.	<i>rbcl</i> memiliki tingkat keberhasilan amplifikasi 100%, sementara <i>matK</i> memiliki tingkat keberhasilan 64%, menghasilkan 87 fragmen yang cocok untuk pengurutan. Pendekatan <i>barcoding</i> berhasil mengidentifikasi 64% dari spesies, terutama dalam kelompok <i>Vaccinium</i> , <i>Dryopteris</i> , dan <i>Symphytum</i> . Substitusi nukleotida unik di lokus <i>matK</i> memungkinkan diferensiasi spesies yang jelas, sementara <i>rbcl</i> memberikan kemampuan identifikasi tambahan.	Penelitian ini pada berfokus pada dua lokus kloroplas (<i>matK</i> dan <i>rbcl</i>), penambahan lokus genetik tambahan seperti <i>ITS</i> dapat meningkatkan keakuratan identifikasi spesies dan meningkatkan hasil filogenetik.
3.	Analisis Sekuens dan Filogenetik Beberapa Tumbuhan <i>Syzygium</i> di	Ekstraksi DNA <i>Axyprep Multisource Genomic DNA miniprep kit</i> (Axygen),	Analisis variasi sekuen menunjukkan adanya perbedaan satu nukleotida	Penelitian ini hanya menggunakan gen <i>matK</i> . Hasil filogenetik

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
	Sulawesi Utara Berdasarkan Gen <i>matK</i> / Presticilla D. Irawan, Trina E. Tallei, dan Beivy J. Kolondam/ Jurnal Ilmiah Sains/2016 (Irawan <i>et al.</i> , 2016)	Amplifikasi gen <i>matK</i> dengan metode PCR dan sekuensing. Data sekuens dirakit dan diedit dengan Genious v 5.6, dilakukan BLAST, dan penjajaran sekuens dengan Multalin v.5.4.1	antara tumbuhan pakoba dan janglang, serta perbedaan 5-6 nukleotida antara bombongan dengan janglang dan pakoba. Selain itu, variasi juga ditunjukkan antara sekuens sampel tumbuhan <i>Syzygium</i> dengan sekuens kerabat yang diperoleh dari basis data GenBank yaitu adanya perbedaan 2-3 nukleotida dengan spesies kerabat terdekat dan perbedaan 5-6 nukleotida dengan spesies kerabat terjauh. Hasil perhitungan jarak genetik menggunakan <i>Kimura-2- parameter</i> menunjukkan nilai jarak interspesies kecil, yaitu 0.000-0.011.	dapat tidak selalu akurat jika hanya menggunakan satu penanda molekuler, gen <i>matK</i> . Akibatnya, penanda genetik tambahan diperlukan, seperti gen <i>ITS</i> . Selain itu, penelitian ini tidak memanfaatkan analisis morfologi, yang dapat memberikan hasil yang lebih mendalam jika digunakan bersama dengan data molekuler.

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
4.	Preparing for the Invasion: Efficacy of DNA <i>Barcoding</i> to Discern the Host Range of Myrtle Rust (<i>Puccinia psidii</i>) among species of Myrtaceae/M. H. Buys, H. J. Flint, E. M. Miller, H. Yao, A. R. Caird and R. J. Ganley/Forestry/2016 (Buys <i>et al.</i> , 2016)	Pengumpulan sampel takson, ekstraksi DNA, dan analisis sekuens. Pengumpulan sampel dilakukan dengan berkonsultasi pada beberapa database herbarium dan mempertimbangkan spesies yang rentan terhadap penyakit. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan NucleoSpin Plant II DNA extraction Kit dengan modifikasi tertentu. Analisis sekuens dilakukan dengan menggunakan dua protokol PCR yang berbeda untuk loci <i>matK</i>	Studi ini menunjukkan bahwa teknik DNA <i>barcoding</i> sangat efektif dalam mengidentifikasi spesies Myrtaceae di Selandia Baru, dengan penekanan pada tiga lokus genetik: <i>ITS</i> , <i>ETS</i> , dan <i>matK</i> . Lokus <i>ITS</i> memiliki tingkat keberhasilan identifikasi tertinggi sebesar 90,4%, menjadikannya lebih andal untuk mengidentifikasi spesies dibandingkan dengan <i>ETS</i> dan <i>matK</i> . Sementara itu, <i>ITS</i> dan <i>ETS</i> memiliki jarak interspesifik yang sebanding, yang menunjukkan bahwa mereka memiliki variasi intraspesifik yang lebih. Selain itu, penelitian ini menghasilkan perpustakaan referensi <i>barcode</i> DNA untuk	Meskipun lokus <i>ITS</i> sangat baik untuk mengidentifikasi spesies, ada tumpang tindih antara variasi genetik intra- dan interspesifik yang dapat mempengaruhi akurasi <i>barcoding</i> , yang menunjukkan bahwa penelitian lebih lanjut diperlukan untuk memahami dinamika genetik pada spesies tersebut.

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
		dan <i>ITS</i> , serta ETS untuk subset taksa tertentu.	membantu identifikasi cepat dan perlindungan spesies asli dan tanaman ekonomi yang penting. Meskipun <i>ITS</i> dan ETS lebih efektif, kombinasi <i>ITS</i> dan <i>matK</i> dapat membuat identifikasi lebih akurat. Hasil ini sangat membantu biosekuriti dan penelitian botani, terutama dalam menangani penyakit seperti myrtle rust (<i>Puccinia psidii</i>).	
5.	<i>Syzygium jiewhoei</i> (Myrtaceae), a New Endemic Tree from Western New Guinea, Indonesia/ G.G. Hambali, S. Sunarti, Y.W. Low/ Gardens Bulletin Singapore/2017 (Hambali <i>et al.</i> , 2017)	Metode yang digunakan mencakup tinjauan semua spesies <i>Syzygium</i> Papua Nugini berdasarkan spesimen herbarium yang diawetkan di berbagai herbarium (BO, K, dan SING). Metode taksonomi	Hasil penelitian ini mendeskripsikan spesies baru, <i>S. jiewhoei</i> , dari Papua Nugini Barat, Indonesia. Spesies ini berkerabat dekat dengan <i>Syzygium recurvovenosum</i> tetapi menunjukkan karakteristik morfologi vegetatif dan reproduksi yang	Meskipun telah dilakukan berbagai upaya oleh berbagai lembaga botani, banyak spesies dalam genus <i>Syzygium</i> masih belum dipelajari dan didokumentasikan secara memadai,

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
		herbarium konvensional diterapkan, dan semua pengukuran diambil dari spesimen herbarium kering. Selain itu, dokumentasi foto juga disediakan dari spesimen hidup yang tumbuh dalam koleksi kebun Mr Tan Jiew Hoe's di Singapura	berbeda. Penelitian ini memberikan tinjauan komprehensif terhadap semua spesies <i>Syzygium</i> Papua Nugini berdasarkan spesimen herbarium, yang berkontribusi terhadap pemahaman keanekaragaman dalam genus ini di wilayah tersebut.	sehingga menimbulkan tantangan dalam identifikasi karena karakter diagnostik morfologi yang tidak memadai. Hal ini mengakibatkan akumulasi yang signifikan dari materi yang tidak teridentifikasi di herbarium, yang mengindikasikan perlunya eksplorasi lebih lanjut dan pekerjaan taksonomi di flora Papua Nugini.
6.	Two New Species of <i>Syzygium</i> (Myrtaceae) from North and West	Pengamatan terhadap spesimen yang disimpan di herbarium Herbarium	Penelitian ini berhasil mendeskripsikan dua spesies baru dari genus <i>Syzygium</i>	Penelitian ini berfokus pada deskripsi morfologi tanpa

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
	Sumatra/Pudji Widodo, Eve Lucas/Kew Bulletin/2018 (Widodo & Lucas, 2018)	Bogoriense, Indonesia, Royal Botanic Gardens, Kew, Inggris dan Herbarium di Leiden University, Belanda termasuk spesimen dari Sumatra dan daerah sekitarnya. Penelitian ini juga mencakup revisi taksonomi berdasarkan pendekatan geografis untuk spesies yang terjadi di area biogeografis yang berbeda, seperti Sumatra	1. <i>Syzygium namosialangense</i> Dikenal dari Bukit Lawang, Sumatra Utara, dan diklasifikasikan sebagai rentan (Vulnerable) karena distribusinya yang terbatas dan ancaman dari kegiatan pertanian dan pennebangan. 2. <i>Syzygium padangense</i> Ditemukan di selatan Padang, Sumatra Barat, juga diklasifikasikan sebagai Rentan (Vulnerable) dengan tantangan konservasi yang serupa. Kedua spesies ini menambah keanekaragaman hayati Sumatra yang saat ini terancam oleh aktivitas manusia.	dukungan data molekuler dapat membuat pengidentifikasian spesies kurang akurat. Ini juga dapat mengurangi hubungan filogenetik dengan spesies lain dalam genus.

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
7.	<i>Syzygium tinombalum</i> (Myrtaceae), a New Species from Central Sulawesi Indonesia/ Siti Sunarti. REINWARDTIA /2020 (Sunarti, 2020)	Salah satu koleksi yang belum dinamai dan disebutkan sebelumnya, dimana memiliki bunga yang mirip dengan <i>hypanthium</i> dari genus <i>Syzygium</i> , dikoleksi dari Kebun Raya Bogor. Data morfologi dan data lapangan (seperti bunga dan warna buah, serta ukuran) dicatat dan diidentifikasi.	<i>Syzygium tinombalum</i> Sunarti <i>spec. nov.</i> adalah jenis baru dari Sulawesi Tengah. <i>Syzygium balgooyi</i> dan <i>S. schumannianum</i> dianggap paling dekat hubungannya dengan <i>Syzygium tinombalum</i> .	Pada penelitian ini, deskripsi spesies baru ini terutama didasarkan pada karakter morfologi tanpa dukungan analisis molekuler, yang penting untuk memperkuat keakuratan identifikasi spesies baru dan memetakan hubungan filogenetiknya dengan spesies lain dalam genus <i>Syzygium</i> .
8.	DNA Barcode of <i>matK</i> Combined with <i>ITS</i> Effectively Distinguishes the Medical Plant <i>Stephania</i>	Analisis morfologi meliputi karakteristik fisik tanaman seperti bentuk daun, warna daun, dan struktur batang	Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa kombinasi analisis morfologi dan metode <i>DNA barcoding</i> berhasil mengidentifikasi	Meskipun ada beberapa penelitian tentang genus <i>Stephania</i> , masih terdapat kekurangan

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
	<i>brachyandra</i> Diels Collected in Laocai, Vietnam/Nhan Thi Thanh Pham, Dung Phuong Le, Khanh Thi Ngoc Pham, Xaykham Thipphavong, dan Mau Hoang Chu/Journal of Applied Biology & Biotechnology (Pham <i>et al.</i> , 2021).	dianalisis untuk membedakan spesies. Metode DNA <i>barcoding</i> dengan dua gen, yaitu <i>matK</i> dan <i>ITS</i> , untuk analisis genetik. Proses ini melibatkan amplifikasi DNA menggunakan PCR, diikuti dengan analisis sekuens untuk memastikan identifikasi spesies yang akurat.	<i>Stephania brachyandra</i> dengan tingkat kesamaan yang tinggi. Gen <i>matK</i> menunjukkan kesamaan 99,37%, sedangkan wilayah <i>ITS</i> menunjukkan kesamaan 98,97% dengan spesies tersebut. Analisis morfologi juga mengonfirmasi karakteristik fisik yang khas dari <i>S. brachyandra</i> , termasuk bentuk dan warna daun, serta struktur batang dan akar tuberous.	data genetik yang memadai untuk spesies-spesies tertentu, termasuk <i>Stephania brachyandra</i> . Penelitian ini terfokus pada satu spesies, yaitu <i>Stephania brachyandra</i>
9.	Filling Gaps of Reference DNA <i>Barcodes</i> in <i>Syzygium</i> from Rainforest Fragments in Sumatra/Ridha Wati, Fabian Brambach, Iskandar Z. Siregar, Fitri Yola	Metode yang digunakan dalam penelitian ini meliputi pengumpulan sampel di 32 plot inventaris pohon, masing-masing seluas 0,25 ha, di Bukit Duabelas National Park dan	Penggunaan tiga penanda DNA, <i>matK</i> , <i>rbcL</i> , dan <i>ITS</i> , sangat efektif dalam mengidentifikasi spesies <i>Myrtaceae</i> yang ditemukan di Sumatra. Marker <i>ITS</i> memiliki tingkat polimorfisme dan daya diskriminasi tertinggi, mampu	Kesenjangan <i>barcoding</i> tidak selalu efektif untuk diferensiasi spesies meskipun terdapat perbedaan besar dalam jarak genetik intra- dan

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
	Amandita, R. W. / Tree Genetics & Genomes/ 2022 (Wati <i>et al.</i> , 2022)	Harapan Rainforest di provinsi Jambi, Sumatra, Indonesia. Dalam setiap plot, individu pohon dengan diameter di atas 10 cm diidentifikasi sebagai morfospesies, dan spesimen dikumpulkan untuk identifikasi morfologi di herbarium. Analisis bioinformatika dilakukan untuk mendukung identifikasi spesies menggunakan data dari marker genetik <i>matK</i> , <i>rbcL</i> , dan <i>ITS</i> .	membedakan 78% spesies, sementara <i>rbcL</i> memiliki daya diskriminasi terendah (63%). Kombinasi ketiga marker memiliki tingkat keberhasilan identifikasi lebih dari 95%. <i>ITS</i> juga menunjukkan variabilitas tertinggi di antara sampel, sedangkan <i>rbcL</i> dan <i>matK</i> lebih efektif untuk atribusi pada tingkat genus. Selain itu, hasil penelitian menunjukkan bahwa kesesuaian antara identifikasi morfologi dan molekuler pada tingkat genus lebih tinggi daripada pada tingkat spesies. Selain itu, perbedaan spesies didukung oleh jarak <i>barcoding</i> yang signifikan dalam jarak genetik intra- dan interspesifik.	interspesifik. Ini terutama benar karena database seperti GenBank tidak memiliki urutan referensi. Kedua, hanya sepertiga sampel yang berhasil diidentifikasi dengan benar pada tingkat spesies karena keterbatasan <i>database</i> referensi. Selain itu, <i>marker</i> DNA seperti <i>ITS</i> memiliki polimorfisme tertinggi, tetapi <i>marker</i> lain seperti <i>rbcL</i> memiliki daya diskriminasi yang lebih rendah, yang

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
			Karena keterbatasan referensi di database seperti GenBank, penelitian ini menemukan bahwa hanya sepertiga sampel yang diidentifikasi secara akurat pada tingkat spesies.	membatasi efektivitasnya. Terakhir, kesesuaian antara identifikasi morfologi dan molekuler lebih baik pada tingkat genus daripada spesies, yang menunjukkan kesulitan dalam mengidentifikasi spesies yang lebih rinci.
10.	Morphological Character of Clove "Raja" (<i>Syzygium aromaticum</i> L.), Endemic to Maluku, Indonesia/Anna Yuliana Wattimena, Asri	Penelitian dilakukan di lokasi sebaran cengkeh "Raja" di Desa Mamala, Provinsi Maluku. Deskriptor yang digunakan mengacu pada Tropical Fruit	Hasil Hierarchical Cluster Analysis (HCA) terhadap 30 sampel tanaman berdasarkan 54 karakter morfologi diperoleh dua kelompok aksesori dengan koefisien ketidakmiripan sebesar 41%.	Penelitian ini hanya menggunakan metode morfologi dan tidak memasukkan analisis molekuler, meskipun analisis molekuler dapat memperkuat

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
	Subkhan Mahulette, Marlita Herlin Makaruku, Muhammad Fajri Aditthia Lating/ Journal of Tropical Crop Science/2023 (Wattimena <i>et al.</i> , 2023)	Descriptors, dengan beberapa modifikasi. Cengkeh “Raja” yang dikarakterisasi merupakan milik petani dan terdiri dari 30 aksesi cengkeh yang telah berumur lebih dari dua puluh tahun. Variabel karakterisasi meliputi karakter pohon, batang, cabang, daun, bunga, buah, dan biji.	Hasil <i>Principle Component Analysis</i> (PCA) mendapatkan keragaman total sebesar 70,5% dimana kelompok pertama terdiri dari aksesi cengkeh “Raja” kelompok I yang memiliki karakter yang teridentifikasi berupa luas daun, panjang daun, lebar daun, dan bentuk ujung daun; sedangkan kelompok kedua aksesi cengkeh “Raja” kelompok II berupa karakter lingkar batang, panjang tangkai daun, panjang bunga, panjang buah, lebar buah, dan berat buah. Karakteristik aksesi cengkeh “Raja” kelompok II memiliki karakter morfologi yang khas berupa bentuk tajuk, permukaan atas	hasil identifikasi dan menemukan variasi genetik dalam spesies.

Tabel 2.1 Kajian Penelitian yang Relevan

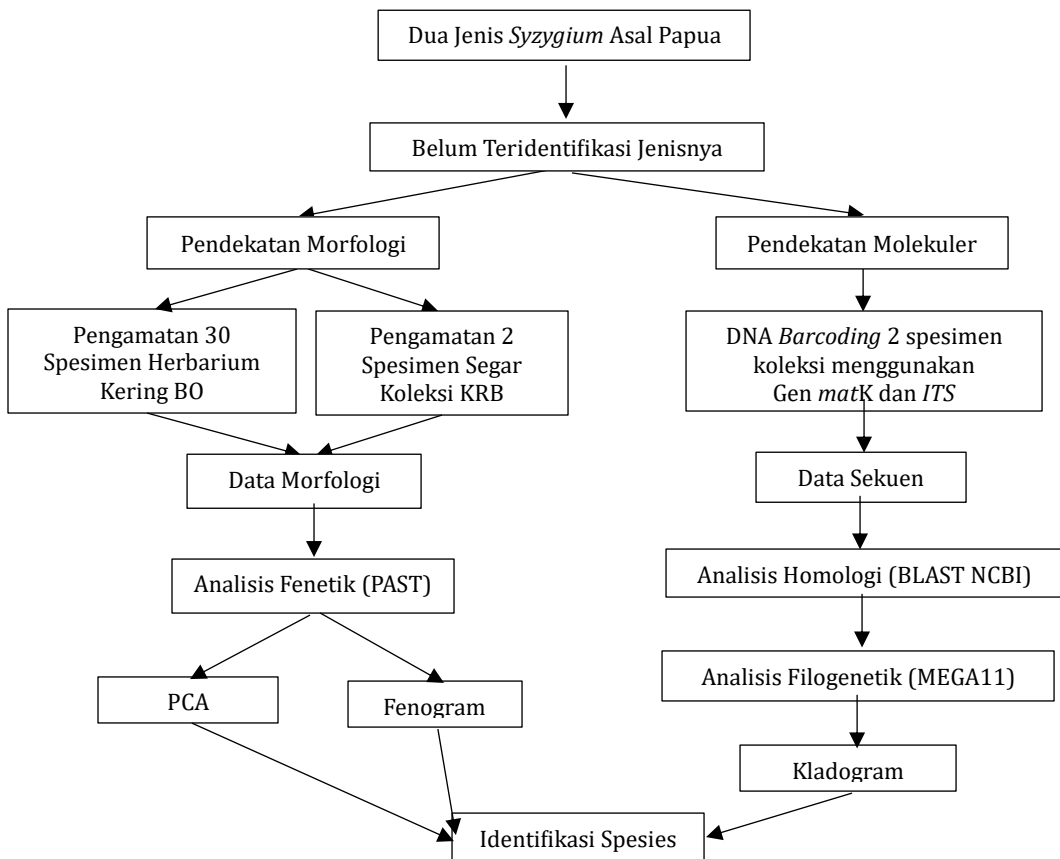
No.	Judul/Penulis/Jurnal/ Tahun	Metode	Hasil	Gap Penelitian
			daun, permukaan bawah daun, ketebalan daun, tekstur daun, warna daun tua, warna pucuk, warna ujung daun, aroma daun, rasa daun, kepedasan daun, panjang tangkai bunga, dan warna biji.	

Kebaruan penelitian ini terletak pada sampel yaitu dua jenis *Syzygium* koleksi Kebun Raya Bogor yang berasal dari Papua dengan nomor koleksi V.B.153 dan V.C.122. Sampel yang digunakan belum pernah sekalipun diidentifikasi hingga tingkat jenis sehingga perlu diidentifikasi agar data tumbuhan jelas dan data yang diperoleh dapat digunakan sebagai dasar untuk penelitian selanjutnya. Kebaruan lainnya terletak pada metode yang digunakan, yaitu penggabungan proses identifikasi secara molekuler menggunakan dua *region* yaitu *ITS* dan *matK* serta pendekatan morfologi yang melibatkan pengamatan pada sampel segar dan spesimen herbarium teridentifikasi untuk memperkuat identifikasi spesies secara akurat sehingga didapatkan kelengkapan data tumbuhan dan diharapkan identifikasi sampel berhasil dilakukan hingga tingkat jenis.

C. Kerangka Berpikir

Identifikasi spesies dapat menyajikan data penting yang mendukung konservasi keanekaragaman hayati. Identifikasi spesies dapat dilakukan menggunakan pendekatan molekuler ataupun morfologi. Pengetahuan yang komprehensif tentang identifikasi spesies tanaman berdasarkan karakter molekuler dan morfologi diperlukan

untuk tujuan ini. Identifikasi dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dilakukan melalui pendekatan molekuler DNA *barcoding* gen *matK* dan *ITS*. Karakterisasi morfologi dilakukan pada dua jenis *Syzygium* asal Papua dan 30 spesimen herbarium kering *Syzygium* asal Papua koleksi Herbarium Bogoriense sebagai pembanding karakter morfologi.



Gambar 2.3 Bagan Alir Penelitian

BAB III

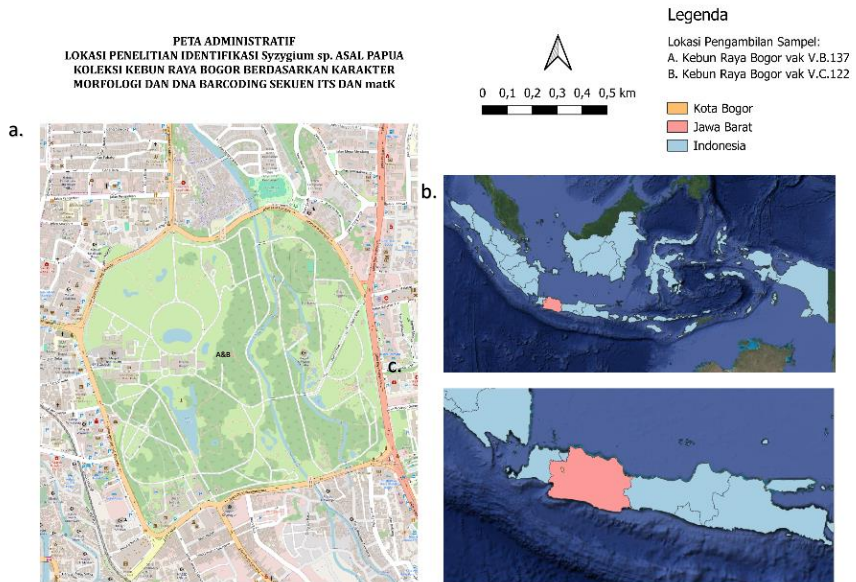
METODE PENELITIAN

A. Jenis dan Pendekatan Penelitian

Jenis penelitian ini adalah penelitian kualitatif menggunakan pendekatan molekuler menggunakan DNA *barcoding* pada *region matK* dan *ITS* serta pendekatan morfologi dengan pengamatan karakter morfologi pada spesimen segar dan herbarium kering untuk identifikasi jenis spesies koleksi yang diamati.

B. Tempat dan Waktu Penelitian

Pengambilan sampel dilakukan di Kebun Raya Bogor pada vak V.B.153 dan V.C.122. Proses identifikasi secara molekuler dan morfologi dilakukan di Pusat Riset Botani Terapan, Laboratorium Terpadu Kebun Raya Bogor, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Bogor, Jawa Barat pada bulan Januari 2024 – Oktober 2024. Pengambilan data spesimen herbarium kering *Syzygium* asal Papua teridentifikasi dilakukan di Herbarium Bogoriense. Analisis data dilakukan pada bulan Agustus 2024 - Desember 2024 di Laboratorium Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo Semarang.



Gambar 3.1 Lokasi Penelitian. a. Peta Kebun Raya Bogor, b. Peta Indonesia, c. Peta Jawa Barat
 (Sumber: Peta Rupa Bumi Indonesia, 2023)

C. Sumber Data

Sumber data dalam penelitian menjadi bagian penting dalam proses penelitian. Sumber data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data primer dan sekunder. Data primer diperoleh secara langsung melalui hasil sekuensing DNA dua jenis *Syzygium* koleksi hidup, pengamatan morfologi koleksi hidup dua jenis *Syzygium* di KRB, dan spesimen herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi yang berasal dari Papua koleksi Herbarium Bogoriense. Data

sekunder yaitu mengenai identifikasi tumbuhan melalui pendekatan molekuler dan morfologi yang diperoleh dari sumber pustaka seperti artikel ilmiah, buku identifikasi, dan *website* ilmiah.

D. Metode dan Instrumen Pengumpulan Data

1. Alat dan Bahan

a. Karakterisasi Molekuler: DNA *Barcoding*

Alat yang digunakan diantaranya yaitu tube ukuran 2 ml dan 1,5 ml, rak tube, tip (warna biru, kuning, dan putih), mikropipet *eppendorf* [hitam (0,1-2,5 μ l), abu-abu (0,5-10 μ l), kuning (2-20 μ l), kuning (10-100 μ l), biru (100-1000 μ l)], spatula, gunting, mortar dan pestle, *vortex* (VWR-Digital Vortex Mixer), *heatblock* (VWR-Digital Heatblock), HulaMixer (Invitrogen), *centrifuge* (Gyrozen Mini), *PCR-Thermal Cyclor* (Max), *spindown* (EMS-myfuge), neraca analitik (Precisa-XT 220A), gelas ukur 100 ml (Pyrex), erlenmeyer 125 ml (Pyrex), *microwave* (SHARP), elektroforesis-Mupid Exu (Advance), gel tray (cetakan elektroforesis), UV tray, *gel doc* (BIO-RAD EZ Imager), parafilm, kulkas dan *freezer* (LG).

Bahan yang digunakan diantaranya yaitu, daun *Syzygium* asal Papua koleksi hidup di Kebun Raya Bogor vak V.B.137 dan V.C.122, pasir silika, Buffer KIT-Geneaid (*GP1 Buffer, RNase A, GP2 Buffer, GP3 Buffer, W1 Buffer, Wash Buffer, Elution Buffer*), primer *ITS* (*forward* dan *reverse*), primer *matK* (*forward* dan *reverse*), PCR Mix (MyTaq HS Red Mix), *Water Double-Distilled Water* (ddH₂O), *agarose*, buffer *Tris-acetate EDTA* (TAE) 1×, Gel Red TM *Nucleid Acid* (pewarna gel), elektroforesis buffer TAE, dan DNA *ladder* 1 kb.

b. Karakterisasi Morfologi

Alat yang digunakan diantaranya yaitu kamera, buku *The Kew Plant Glossary: an Illustrated Dictionary of Plant* (Beentje, 2010), *RHS colour chart 6th edition* (RHS, 2019), penggaris 30 cm, dan *digital caliper* 150 mm.

Bahan yang digunakan diantaranya yaitu dua individu koleksi hidup *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor vak V.B.137 dan V.C.122, serta 30 jenis spesimen herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi yang berasal dari Papua koleksi Herbarium Bogoriense.

2. Instrumen Pengumpulan Data

Bagian daun, ranting, dan batang dikarakterisasi morfologinya secara kuantitatif dan kualitatif pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor (Harris & Harris 2001; Simpson, 2019). Pengamatan dilakukan secara langsung, dimulai dengan mengukur diameter ranting, panjang, dan lebar daun dengan penggaris dan *digital caliper*. *RHS Colour Chart* juga digunakan untuk melihat warna daun. Dua jenis *Syzygium* koleksi Kebun Raya Bogor dan 30 spesimen herbarium kering di Herbarium Bogoriense (BO) dikarakterisasi morfologi dalam penelitian ini. Data morfologi disajikan dalam bentuk tabel dan deskriptif berdasarkan hasil pengamatan morfologi di Kebun Raya Bogor dan Herbarium Bogoriense berdasarkan buku *The Kew Plant Glossary: an Illustrated Dictionary of Plant* (Beentje, 2010).

Karakterisasi morfologi menggunakan lembar observasi seperti pada (Tabel 3.1) dimana karakter yang dipilih bersumber dari buku *The Kew Plant Glossary: an Illustrated Dictionary of Plant* (Beentje, 2010) dan artikel penelitian *Syzygium tinombalum* (Myrtaceae), *a New Species from Central Sulawesi Indonesia* (Sunarti, 2020). Tidak semua karakter yang

disebutkan dalam sumber-sumber tersebut digunakan. Pemilihan karakter dilakukan berdasarkan relevansi dengan tujuan penelitian, ketersediaan data, dan kemampuan karakter untuk memberikan informasi yang relevan.

Tabel 3.1 Karakter Morfologi Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

No.	Karakter	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)
1.	Ukuran (P & L)		
2.	Warna daun muda (<i>adaxial</i>)		
3.	Warna daun muda (<i>abaxial</i>)		
4.	Warna daun dewasa (<i>adaxial</i>)		
5.	Warna daun dewasa (<i>abaxial</i>)		
6.	Bentuk daun		
7.	Ujung daun		
8.	Pangkal daun		
9.	Tepi daun		
10.	<i>Secondary vein</i> (<i>pairs</i>)		
11.	<i>Intramaginal vein</i>		
12.	Venasi		
13.	Perlekatan daun		
14.	Panjang petiole		
15.	Tata letak daun		

No.	Karakter	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)
16.	Permukaan daun		
17.	Tipe daun		
18.	Kelengkapan daun		
19.	Tunas pada ujung daun		
20.	Diameter ranting		
21.	Bentuk ranting		
22.	Warna ranting		
23.	Jenis batang		
24.	Permukaan batang		
25.	Habitus		

Tabel 3.2 Karakter Morfologi Herbarium Kering *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i> 1 s/d 30 jenis
1.	Bentuk daun	
2.	Ujung daun	
3.	Pangkal daun	
4.	Tepi daun	
5.	Venasi	
6.	Perlekatan daun	
7.	Tata letak daun	
8.	Tipe daun	
9.	Tunas pada ujung daun	
10.	Bentuk ranting	
11.	Permukaan ranting	

3. Tahapan Penelitian

a) Pengambilan Sampel

Pengambilan sampel spesimen segar *Syzygium* asal Papua dilakukan di Kebun Raya Bogor pada vak V.B.153 dan V.C.122. Terdapat 2 spesies hidup *Syzygium* asal Papua yang terdokumentasi dalam bentuk gambar dan diambil daun beserta ranting untuk pengamatan karakter morfologi. Selain itu, diambil daun dari kedua spesies hidup *Syzygium* asal Papua pada vak V.B.153 dan V.C.122 untuk isolasi DNA dan dilanjutkan hingga tahap sekuensing. Dipilih daun muda yang tidak berpenyakit karena daun muda memiliki sel yang lebih aktif membelah, yang menghasilkan kandungan DNA yang lebih tinggi dan kualitas DNA yang lebih baik untuk diisolasi serta untuk memudahkan saat proses penggerusan dan minim metabolit sekunder (Barta *et. al.*, 2017). Kemudian daun dibersihkan dari kotoran dan disimpan dalam *ziploc bag* yang sudah diberi nama kode vak.

Pengambilan gambar morfologi spesimen herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi asal Papua dilakukan di Herbarium Bogoriense.

Terdapat 30 spesies herbarium *Syzygium* asal Papua yang terdokumentasi dalam bentuk gambar.

Tabel 3.3 Spesimen Herbarium *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense

No.	Spesies	Asal
1.	<i>Syzygium pallens</i> Merr. & Perry	Papua
2.	<i>Syzygium subalatum</i> (Ridley) Merr. & Perry	Papua
3.	<i>Syzygium subcorymbosum</i> Merr. & Perry	Papua
4.	<i>Syzygium polyantha</i> (L.K. Schum)	Papua
5.	<i>Syzygium rosaceum</i> Diels	Papua
6.	<i>Syzygium versteegii</i> (Lauterb.) Merr. & Perry	Papua
7.	<i>Syzygium nutans</i> (K. Schum.) Merr. & Perry	Papua
8.	<i>Syzygium buettnerianum</i> (K. Schum.) Niedenzu	Papua
9.	<i>Syzygium roemerii</i> (Lauterb.) Merr. & Perry	Papua
10.	<i>Syzygium pycnanthum</i> Merr. & Perry	Papua
11.	<i>Syzygium cf. nemorale</i> Merr. & Perry	Papua
12.	<i>Syzygium naiadum</i> (Diels) Merr. & Perry	Papua
13.	<i>Syzygium roseum</i> Merr. & Perry	Papua
14.	<i>Syzygium pseudoformosum</i> (King) Merr. & Perry	Papua
15.	<i>Syzygium subcozymbosium</i> Merr & Perry	Papua
16.	<i>Syzygium polyanthum</i> (Wight) Walp.	Papua
17.	<i>Syzygium ponapense</i> Diels	Papua
18.	<i>Syzygium polysticta</i> Diels	Papua

No.	Spesies	Asal
19.	<i>Syzygium pergamaceum</i> (Greves) Merr. & Perry	Papua
20.	<i>Syzygium plumeum</i> (Ridley) Merr. & Perry	Papua
21.	<i>Syzygium schumannianum</i> (Niedenzu) Diels	Papua
22.	<i>Syzygium samarangense</i> (BI) Merr. & Perry	Papua
23.	<i>Syzygium saliciforme</i> Merr. & Perry	Papua
24.	<i>Syzygium salicina</i> Diels	Papua
25.	<i>Syzygium salicinum</i> (Ridley) Merr. & Perry	Papua
26.	<i>Syzygium coalitum</i> (Greves) Hartley & Perry	Papua
27.	<i>Syzygium claviflorum</i> (Roxb) A. M. Cowan & Cowan	Papua
28.	<i>Syzygium platicarpa</i> Diels	Papua
29.	<i>Syzygium phaeostictum</i> Merr. & Perry	Papua
30.	<i>Syzygium pteropodum</i> (Lauterb & K. Schum)	Papua

b) Isolasi DNA

1. Penggerusan Sampel

Terlebih dahulu dilakukan sterilisasi pada gunting dengan cara gunting dibasahi dengan alkohol kemudian dilap dengan *tissue*. Kemudian, diambil bagian daun dari koleksi hidup *Syzygium* sp. asal Papua di Kebun Raya Bogor vak V.B.137 dan V.C122 lalu digunting kecil-kecil tanpa mengenai tulang daunnya.

Setelah itu, daun dimasukkan ke dalam mortar dan ditambahkan pasir silika sebanyak 1 sendok spatula. Kemudian sampel digerus menggunakan *pestle* sesuai arah jarum jam. Sampel yang telah halus, kemudian diambil 0,1 g dan dimasukkan ke dalam tube ukuran 1,5 ml. Bila masih terdapat sisa sampel dapat dimasukkan ke dalam tube 2 ml baru untuk dijadikan stok, kemudian diberikan label pada masing-masing sampel.

2. Isolasi DNA Metode Kit *Genomic DNA Mini Kit (Plant)* Geneaid

Daun *Syzygium* yang telah dimasukkan ke dalam *microtube* 1,5 ml tadi, kemudian ditambahkan 400 μ l GP1 *Buffer* dan 5 μ l *RNAse*, lalu *divortex* hingga homogen. Kemudian dilakukan inkubasi selama 10 menit didalam *heatblock* yang telah diatur suhunya menjadi 60°C. Selama masa inkubasi berlangsung, dilakukan *inverting* setiap 5 menit sekali, tidak lupa *elution buffer* diinkubasi juga untuk digunakan di tahap akhir. Setelah itu, ditambahkan 100 μ l GP2 *Buffer*, kemudian *divortex*. Setelah itu, diinkubasi dalam lemari es

selama 3 menit. Diletakkan *filter column* ke dalam *collection tube* ukuran 2ml dan larutan tadi dimasukkan ke dalam *filter column*. Kemudian disentrifugasi selama 1 menit menggunakan kecepatan 13.000 rpm. Setelah itu, filtrat yang ada di *filter column* dibuang dan supernatan yang ada dalam *collection tube*, dimasukkan ke dalam *microcentrifuge tube* ukuran 1,5 ml.

Kemudian ditambahkan 1,5 kali volume *GP3 Buffer* lalu divortex. Setelah itu, diletakkan *GD column* ke dalam *collection tube* ukuran 2ml. *Supernatan* diambil 700 μ l dan dipindahkan ke dalam *GD column*. Setelah itu, disentrifugasi selama 2 menit dengan kecepatan 13.000 rpm. Larutan yang ada dalam *collection tube* (*flow-through*) kemudian dibuang, dan *GD Column* diletakkan lagi pada *collection tube* dan dimasukkan sisa dari *supernatan* tadi ke dalam *GD Column* lalu disentrifugasi selama 2 menit menggunakan kecepatan 13.000 rpm. Setelah itu, larutan yang ada dalam *collection tube* dibuang dan *GD Column* diletakkan dalam *collection tube*.

Sebanyak 400 µl *W1 Buffer* ditambahkan ke dalam *GD Column*. Kemudian disentrifugasi selama 1 menit menggunakan kecepatan 13.000 rpm. Setelah itu, larutan yang ada dalam *collection tube* dibuang dan *GD Column* dimasukkan kembali ke dalam *collection tube*, kemudian ditambahkan 600 µl *Wash buffer* ke dalam *GD Column*. Setelah itu, disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 13.000 rpm. Dan larutan yang ada dalam *collection tube* dibuang dan *GD Column* diletakkan ke dalam *collection tube*. Setelah itu, disentrifugasi lagi selama 3 menit untuk mengeringkan *column matrix*.

GD Column kemudian dimasukkan ke dalam *microtube* ukuran 1,5 ml yang baru. Setelah itu, ditambahkan 100 µl *elution buffer* yang tadi telah dipanaskan dalam *heatblock*, dan didiamkan selama 3-5 menit agar saling mengikat. Setelah itu disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 13.000 rpm. Setelah hasil didapatkan, kemudian disimpan dalam lemari es (Geneaid, 2024).

c) Amplifikasi DNA

Proses amplifikasi DNA diawali dengan membuat komposisi mix PCR yang terdiri dari PCR PreMix, ddH₂O, dan primer (*forward* dan *reverse*). Komposisi PCR yang telah disiapkan kemudian dimasukkan ke dalam *microtube* ukuran 0,2 mL yang sebelumnya sudah diberi kode sampel. Dimasukkan DNA *template* sebanyak 1 µl pada *microtube* sesuai dengan kode sampelnya. Setelah itu, *spindown* PCR mix selama 5 detik. Komposisi mix PCR yang telah homogen, kemudian diletakkan pada mesin *thermal cycler*. Komposisi PCR yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 3.4 dan 3.5.

Tabel 3.4 Komposisi PCR untuk Perbanyakan Sampel dengan Primer *matK*

No.	Komponen	Volume reagen (µl)
1.	PCR PreMix (MyTaq HS Red Mix, 2x)	25 µl
2.	ddH ₂ O	16 µl
3.	DNA <i>template</i>	5 µl
4.	Primer <i>matK</i> (<i>Forward & Reverse</i>)	Masing-masing 2 µl
Jumlah Total		50 µl

Tabel 3.5 Komposisi PCR untuk Perbanyakan Sampel dengan Primer *ITS*

No.	Komponen	Volume reagen (µl)
1.	PCR PreMix (MyTaq HS Red Mix, 2x)	25 µl
2.	ddH ₂ O	16 µl
3.	DNA <i>template</i>	5 µl
4.	Primer <i>ITS</i> (<i>Forward</i> & <i>Reverse</i>)	Masing-masing 2 µl
Jumlah Total		50 µl

Amplifikasi menggunakan gen *matK* dimulai dengan *denaturasi* awal pada suhu 94°C selama 3 menit, kemudian dilanjutkan dengan 35 siklus, yaitu *denaturasi* selama 45 detik menggunakan suhu 94°C, *annealing* dengan suhu 51°C selama 1 menit, kemudian *ekstensi* selama 1 menit pada suhu 72°C. Kemudian dilanjutkan dengan *post-ekstensi* selama 7 menit pada suhu 72°. Amplifikasi gen *matK* dilakukan dengan menggunakan 2 pasangan primer yakni sekuen primer *matK forward* (*Kim3_F*) 5'-CGT-ACA-GTA-CTT-TTG-TGT-GTT-TAC-GAG-3' dan primer *matK reverse* (*Kim1_R*) 5'-ACC-CAG-TCC-ATC-TGG-AAA-TCT-TGG-TTC-3' (Kim, 2010).

Amplifikasi menggunakan gen *ITS* dimulai dengan *denaturasi* awal pada suhu 94°C selama 3 menit, kemudian dilanjutkan dengan 35 siklus, yaitu *denaturasi* selama 1 menit menggunakan suhu 94°C, *annealing* dengan suhu 58°C selama 1 menit, kemudian *ekstensi* selama 2 menit pada suhu 72°C. Kemudian dilanjutkan dengan *post-ekstensi* selama 5 menit pada suhu 72°. Amplifikasi gen *ITS* dilakukan dengan menggunakan 2 pasangan primer yakni sekuen primer *ITS forward* (*ITS1_17SE*) 5'-ACG-AAT-TCA-TGG-TCC-GGT-GAA-GTG-TTC-G-3' dan primer *ITS reverse* (*ITS2_26SE*) 5'-TAG-AAT-TCC-CCG-TTC-GCT-CGC-CGT-TAC-3' (Sun *et al.*, 1994).

d) Visualisasi DNA

Sebanyak 0,8 gram bubuk agarose ditimbang dan dimasukkan ke dalam erlenmeyer ukuran 125 ml. Kemudian ditambahkan 80 ml TAE 1× ke dalam erlenmeyer. Mulut tabung erlenmeyer ditutup menggunakan *aluminium foil* dan di atasnya diberi lubang kecil, setelah itu larutan dihomogenkan. Selanjutnya dimasukkan ke dalam *microwave* selama 2 menit, setelah itu didiamkan selama 1 menit. Kemudian ditambahkan *GelRed* sebanyak 1

μ l kemudian dihomogenkan namun jangan sampai ada gelembung. Setelah itu, larutan agarose dituangkan ke dalam cetakan elektroforesis yang telah dipasang sisir elektroforesis. Kemudian didiamkan selama 25 menit pada suhu ruang hingga agarose mengeras.

Setelah itu, sisir elektroforesis dilepaskan dan gel agarose dikeluarkan dari cetakan elektroforesis. Kemudian gel agarose dimasukkan ke dalam chamber elektroforesis yang sudah diberikan buffer TAE 1 $\times$. Reagen dari PCR kemudian dimasukkan ke dalam lubang sumuran sebanyak 5 μ l dan DNA *ladder* 1 kb sebanyak 1 μ l diletakkan diujung kiri sebagai marker.

Running elektroforesis dilakukan selama 30 menit dengan tegangan 100 volt. Setelah selesai elektroforesis, gel diangkat dan diletakkan ke dalam UV *tray* untuk divisualisasi menggunakan *Gel-Doc* tipe BIO-RAD EZ *Imager*. Dalam komputer yang telah disambungkan *Gel-Doc* akan terlihat pita yang terbentuk atau visualisasi DNA setelah 5 menit.

e) DNA Sekuensing

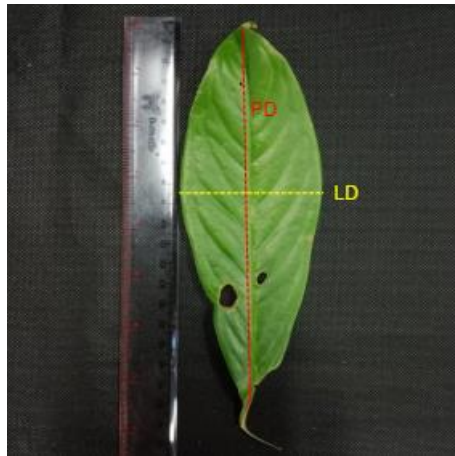
Pengerjaan DNA sekuensing dalam penelitian ini dilakukan oleh jasa Laboratorium *First Base* (*1st Base*) Singapura.

f) Pengamatan Morfologi

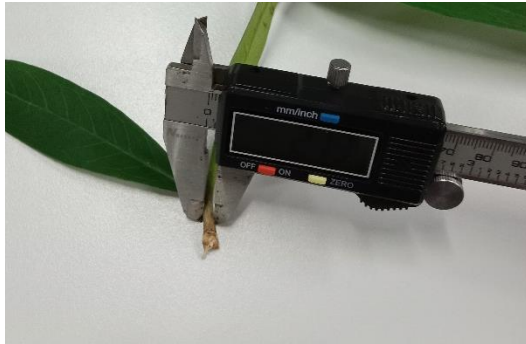
Pengamatan morfologi, terutama pada organ vegetatif seperti daun, ranting, dan batang, dilakukan menggunakan bantuan buku referensi *The Kew Plant Glossary: an Illustrated Dictionary of Plant* (Beentje, 2010). Dua spesimen hidup *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dibandingkan karakter morfologinya dengan 30 spesimen herbarium kering *Syzygium* asal Papua koleksi Herbarium Bogoriense. Adapun karakter yang diamati yaitu karakter morfologi bagian daun, ranting, dan batang berdasarkan lembar observasi pada Tabel 3.1 dan Tabel 3.2 (Beentje, 2010; Sunarti, 2020). Karakter morfologi bagian bunga dan buah tidak diamati dikarenakan pada saat pengamatan, dua jenis *Syzygium* asal Papua di Kebun Raya Bogor sedang tidak berbunga dan berbuah.

Pengamatan karakter morfologi warna daun dilakukan dengan mencocokkan bagian daun

adaxial dan *abaxial* dengan *RHS colour chart sixth edition* (RHS, 2019). Dilakukan juga pengukuran panjang dan lebar daun. Panjang daun diukur mulai dari ujung daun hingga pangkal daun menggunakan penggaris 30 cm dan diulangi sebanyak 5 kali pengukuran (Gambar 3.2). Lebar daun diukur pada bagian tengah daun dari tepi kanan ke tepi kiri menggunakan penggaris 30 cm dan diulangi sebanyak 5 kali pengukuran (Gambar 3.2). Diameter ranting diukur pada bagian ranting setelah tangkai daun (*petiole*) menggunakan *digital caliper* 150 mm (Gambar 3.3).



Gambar 3.2 Pengukuran Panjang Daun (Merah) dan Lebar Daun (Kuning) Menggunakan Penggaris 30 cm (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)



Gambar 3.3 Pengukuran Ranting Menggunakan *Digital Caliper* 150 mm (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

E. Analisis Data

1. Analisis Data Molekuler

Sekuen DNA yang telah diperoleh dalam bentuk Kromatogram berupa grafik hasil pembacaan basa nukleotida dalam format .ab1, dilakukan pensejajaran (*alignment*) dan pengeditan menggunakan *software* MEGA11 (Tamura *et al.*, 2021). Analisis homologi menggunakan BLAST di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), yang membandingkan sekuen dengan data yang tersedia di *GenBank* NCBI. Langkah ini berfungsi untuk mengkonfirmasi spesies, membandingkan sekuen target dengan *database* referensi untuk menemukan kemiripan sekuens dan memastikan bahwa identifikasi spesies tepat.

Analisis filogenetik bertujuan untuk melihat hubungan kekerabatan antara sampel *Syzygium* sp. vak V.B.137 dan V.C.122 dengan sekuen pembanding yang diunduh dari *GenBank*. Analisis filogenetik pada *region matK* dilakukan berdasarkan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model substitusi *Tamura 3-parameter* dan pada *region ITS* menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model *Tamura-Nei + Gamma*. Rekonstruksi pohon filogenetik (kladogram) bertujuan untuk mengetahui adanya perbedaan genetik antar individu dengan menggunakan menggunakan *software* MEGA11 dengan nilai *bootstrap* 1000x (Tamura *et al.*, 2021).

2. Analisis Data Morfologi

Analisis data morfologi dilakukan untuk menemukan pola variasi di antara spesies yang diteliti. Analisis fenetik dalam penelitian ini berfokus pada karakter morfologi kualitatif sebagai upaya meminimalisir bias akibat perbedaan kondisi lingkungan antara Kebun Raya Bogor dan Papua. Karakter kualitatif dinilai lebih reliabel dalam analisis fenetik ketika terdapat perbedaan kondisi lingkungan yang signifikan sedangkan karakter kuantitatif seperti

panjang dan lebar daun sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Ferita *et al.*, 2015).

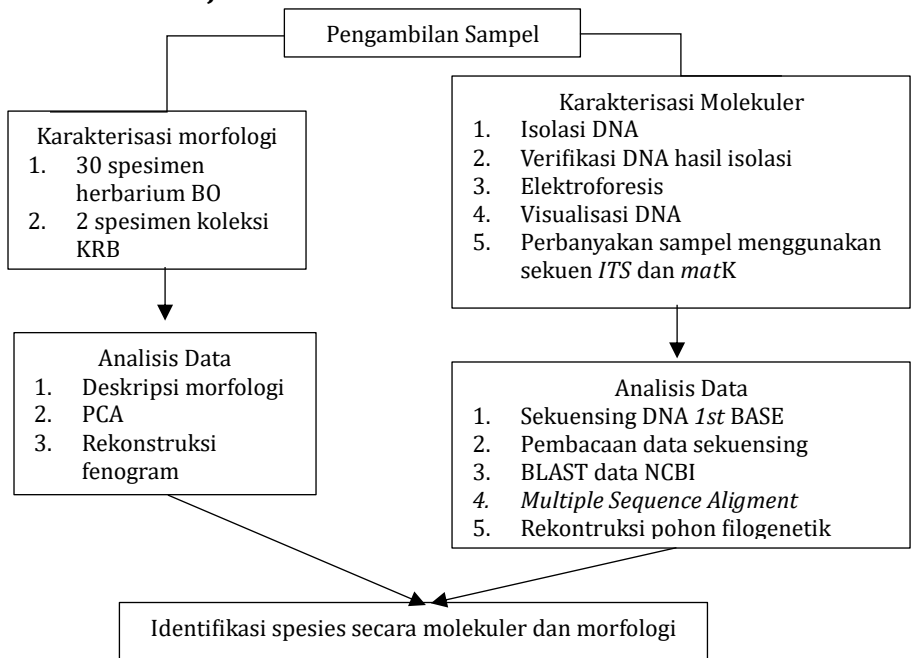
Data yang digunakan diperoleh dari hasil karakterisasi morfologi dengan bantuan lembar observasi yang berisi karakter morfologi, seperti warna daun, bentuk daun serta karakter terkait lainnya (Söderström *et al.*, 2016). Sebelum dianalisis, data karakteristik morfologi yang telah diperoleh kemudian diskoring dalam bentuk angka pada *Ms. Excell* lalu direkapitulasikan menjadi tabulasi data.

Data tersebut kemudian dimasukkan ke dalam *software* PAST (*Paleontological Statistics*) versi 4.06, untuk analisis komponen utama dan klaster (Hammer *et al.*, 2001). Analisis Komponen Utama (PCA) merupakan teknik statistik yang digunakan untuk mereduksi dimensi data multivariat tanpa kehilangan informasi *esensial* dari dataset asli. PCA sering digunakan untuk mengidentifikasi karakter yang paling berpengaruh dalam mendefinisikan keunikan suatu kelompok tanaman (Astuti & Adiwijaya, 2019).

Dendrogram fenetik (fenogram) menggambarkan hubungan spesies berdasarkan kesamaan morfologi. Dalam PAST, fenogram dibuat dengan menggunakan koefisien pencocokan sederhana dan metode UPGMA

(*Unweighted Pair Group Method Arithmetic*) pada indeks disimilaritas *Euclidean* yang dapat menunjukkan hubungan fenetik antara spesimen tersebut (Hammer *et al.*, 2001; Karuniawan *et al.*, 2017). Dendrogram yang dihasilkan memberikan visualisasi yang jelas tentang hubungan evolusi antar spesies. Hasil dari analisis PCA dan dendrogram fenetik memberikan gambaran menyeluruh tentang variasi morfologi spesies yang diteliti.

F. Alur Kerja



Gambar 3.4 Alur Kerja

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

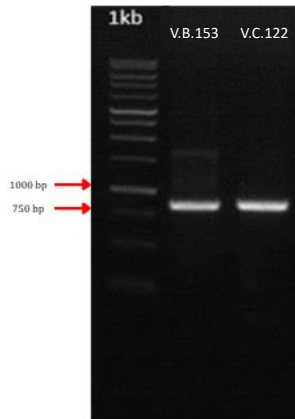
A. Analisis Profil Sekuen *matK* dan *ITS* pada Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

Proses identifikasi secara molekuler diawali dengan isolasi DNA dari dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor pada vak V.B.153 dan V.C.122. Analisis profil sekuen *matK* dan *ITS* dapat dilakukan setelah proses sekuensing, PCR, elektroforesis dan isolasi DNA. Data dianalisis menggunakan program BLAST NCBI dan *software* MEGA11.

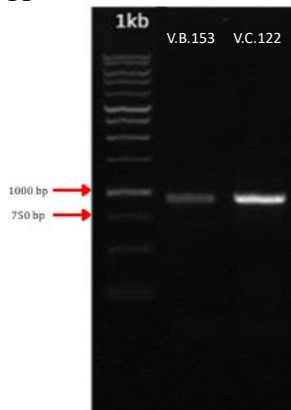
1. Isolasi dan Amplifikasi DNA Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

Isolasi DNA dilakukan dengan protokol kit *Genomic DNA Mini Kit (Plant)*. Setelah diperoleh isolat DNA, dilanjutkan ke tahap amplifikasi DNA menggunakan teknik *Polymerase Chain Reaction*. Pada tahap ini, masing-masing sampel diamplifikasi menggunakan dua jenis primer yaitu primer *matK* dan primer *ITS* kemudian divisualisasikan melalui elektroforesis gel agarose. Kedua sampel ini masing-masing berhasil diamplifikasi menggunakan primer *matK* dan *ITS* ditunjukkan dengan diperolehnya pita DNA setelah

divisualisasi (Gambar 4.1 & Gambar 4.2). Pita DNA yang dihasilkan sudah sesuai dengan target yaitu berkisar antara 750 pb hingga 1000 pb untuk wilayah *matK* dan *ITS*.



Gambar 4.1 Visualisasi DNA Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Menggunakan Primer *matK*, DNA ladder 1Kb



Gambar 4.2 Visualisasi DNA Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Menggunakan Primer *ITS*, DNA ladder 1Kb

Hasil elektroforesis dua jenis *Syzygium* asal Papua menggunakan primer *matK* pada *Syzygium* sp. (V.B.153) menunjukkan pita DNA tunggal yang tebal dan jelas. Pada *Syzygium* sp. (V.C.122) menunjukkan pita DNA tunggal yang tebal dan jelas. Pita DNA yang tebal menandakan kualitas DNA yang baik dan cukup murni sehingga dapat digunakan untuk analisis lebih lanjut. Temuan ini sejalan dengan penelitian sebelumnya yang berhasil mengamplifikasi *region matK* pada berbagai spesies *Syzygium* seperti pakoba (*Syzygium* sp.) dan *S. cumini* (Irawan *et al.*, 2016). Ukuran fragmen DNA hasil amplifikasi kedua jenis *Syzygium* asal Papua berkisar antara 750 pb hingga 1000 pb.

Hasil elektroforesis dua jenis *Syzygium* asal Papua menggunakan primer *ITS* pada *Syzygium* sp. (V.B.153) diperoleh pita DNA tunggal yang cukup tebal dan jelas. Pada *Syzygium* sp. (V.C.122) menunjukkan pita DNA tunggal yang tebal dan jelas. Pita DNA yang tebal menandakan kualitas DNA yang baik sehingga dapat digunakan untuk analisis lebih lanjut. Temuan ini sejalan dengan penelitian sebelumnya yang berhasil mengamplifikasi *region ITS* pada berbagai spesies *Syzygium* seperti *S. acuminatissimum*, *S. fastigiatum*, *S.*

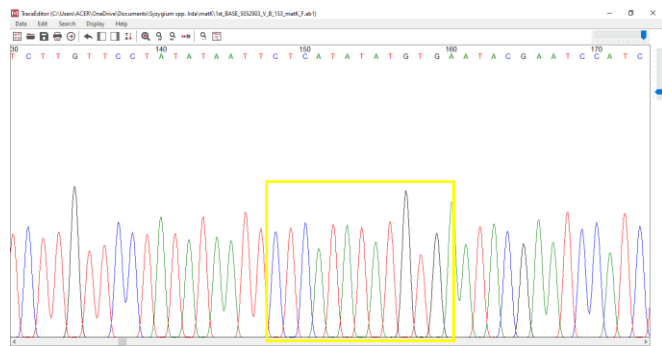
minimum, *S. cf. filiforme*, *S. cf. scalarinerve*, *S. grande*, *S. chloranthum*, *S. cf. nervosum*, *S. lineatum*, *S. claviflorum*, *S. cymosum*, *S. laxiflorum*, *S. racemosum*, *S. cf. aemulum*, *S. urceolatum ssp. palembanicum* (Buys *et al.*, 2016; Yulisma *et al.*, 2018; Wati *et al.*, 2022). Ukuran fragmen DNA hasil amplifikasi kedua jenis *Syzygium* asal Papua berkisar antara 750 pb hingga 1000 pb.

2. Analisis Profil Sekuen *Region matK*

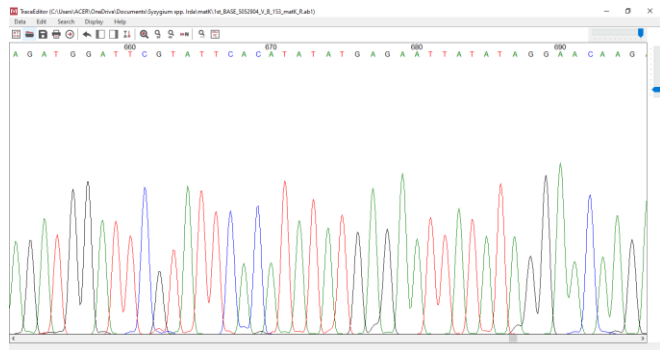
2.1 Kromatogram Sekuen Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua

Hasil analisis sekuensing dua jenis *Syzygium* asal Papua diperoleh dalam bentuk digital dengan format .ab1. File ini berisikan dua jenis data sekuensing, yaitu sekuensing *forward* dan *reverse*. Data tersebut dijadikan dalam bentuk grafik kromatogram yang menunjukkan urutan basa nitrogen penyusunan DNA. Setiap jenis basa nitrogen (adenin, timin, guanin, dan sitosin) direpresentasikan oleh warna yang berbeda pada grafik, yaitu hijau untuk adenin, merah untuk timin, biru untuk sitosin, dan hitam untuk guanin (Mawaddah *et al.*, 2022).

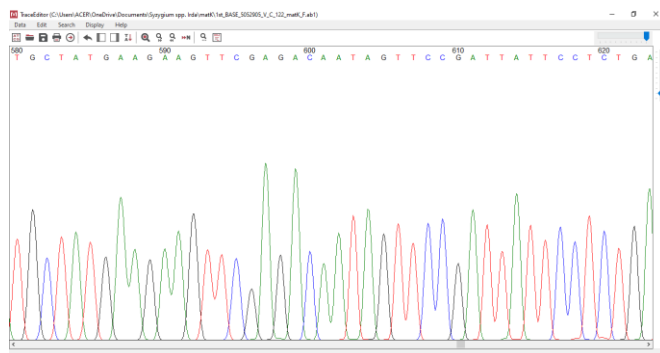
Hasil sekuensing pada dua jenis *Syzygium* asal Papua menghasilkan kromatogram yang menunjukkan kualitas data yang baik, ditandai dengan puncak-puncak yang jelas dan terpisah dapat dilihat pada Gambar 4.3. Panjang sekuen yang diperoleh untuk *Syzygium* sp. (V.B.153) dari pembacaan arah *forward* dan *reverse* masing-masing adalah 850 pb dan 850 pb. Panjang sekuen yang diperoleh untuk *Syzygium* sp. (V.C.122) dari pembacaan arah *forward* dan *reverse* masing-masing adalah 860 pb dan 870 pb. Kromatogram *Syzygium* sp. (V.B.153) tersaji pada Gambar 4.3 dan 4.4. Kromatogram *Syzygium* sp. (V.C.122) tersaji pada Gambar 4.5 dan 4.6.



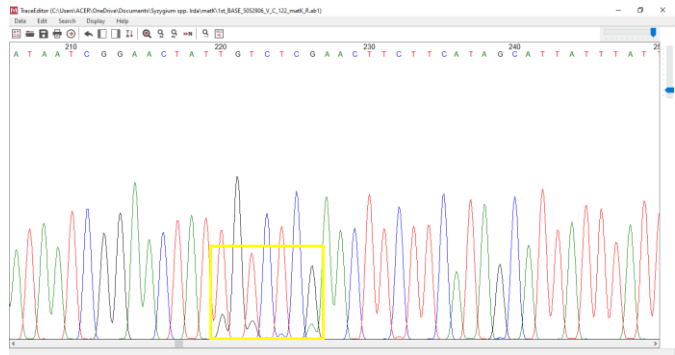
Gambar 4.3 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.B.153) *Forward Region matK*. Kotak kuning menunjukkan bagian puncak yang jelas dan terpisah



Gambar 4.4 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.B.153)
Reverse Region matK



Gambar 4.5 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.C.122)
Forward Region matK



Gambar 4.6 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.C.122) *Reverse Region matK*. Kotak kuning menunjukkan grafik yang tumpang tindih

Grafik kromatogram menunjukkan kualitas data yang baik, namun masih terdapat sedikit grafik yang tumpang tindih pada ujung awal pada sekuen (Gambar 4.6). Meskipun demikian, hal ini tidak secara signifikan mengganggu analisis data selanjutnya (Taariwuan *et al.*, 2021).

2.2 Homologi Spesies dengan Analisis BLAST

Analisis BLAST menunjukkan bahwa urutan nukleotida pada sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki homologi dengan 6 genus yaitu *Syzygium*, *Eugenia*, *Acmena*, *Waterhousea*, *Anetholea* dan *Kania* (Lampiran 3). Sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki homologi dengan 27 genus yaitu *Decaspermum*, *Archirhodomirtus*, *Neomirtus*,

Rhodomyrtus, *Plinia*, *Myrcia*, *Myrtastrum*, *Uromyrtus*, *Calyptranthes*, *Psidium*, *Campomanesia*, *Myrceugenia*, *Ugni*, *Pimenta*, *Blepharocalyx*, *Acca*, *Myrciaria*, *Myrtella*, *Myrcianthes*, *Amomyrtus*, *Eugenia*, *Myrtus*, *Luma*, *Lenwebbia*, *Acmena*, *Syzygium*, dan *Lophomyrtus* (Lampiran 4).

Analisis BLASTn terhadap *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) masing-masing menghasilkan 100 sekuen referensi (Lampiran 3 & 4). Hasil BLAST *Syzygium* sp. (V.B.153) dipilih sebanyak 11 sekuen referensi dan *Syzygium* sp. (V.C.122) dipilih 9 sekuen referensi untuk dianalisis lebih lanjut. Kriteria pemilihan didasarkan pada *percent identity*, *e-value*, dan *query cover*. Hasil BLASTn *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) yang dipilih untuk analisis lebih lanjut tersaji pada Tabel 4.1 dan 4.2. Tabel 4.1 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA *Syzygium* sp. (V.B.153) *Region matK* terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
1.	<i>Syzygium pachycladum</i>	100%	0,0	99,88%	NC_084389.1
2.	<i>Syzygium grande</i>	100%	0,0	99,88%	PP893287.1

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
3.	<i>Syzygium megacarpum</i>	100%	0,0	99,88%	NC_082027.1
4.	<i>Syzygium sayeri</i>	100%	0,0	99,88%	NC_084392.1
5.	<i>Syzygium syzygoides</i>	100%	0,0	99,88%	PP975770.1
6.	<i>Syzygium sandwicense</i>	100%	0,0	99,88%	DQ088606.1
7.	<i>Syzygium cinereum</i>	100%	0,0	99,77%	PP145305.1
8.	<i>Syzygium alatum</i>	100%	0,0	99,77%	NC_084380.1
9.	<i>Syzygium australe</i>	100%	0,0	99,77%	AF368221.2
10.	<i>Syzygium samarangense</i>	100%	0,0	99,77%	DQ088605.1
11.	<i>Syzygium alatum</i>	100%	0,0	99,77%	OM752365.1

Tabel 4.2 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA *Syzygium* sp. (V.C.122) *Region matK* terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
1.	<i>Decaspermum humile</i>	97%	0,0	99,53%	AY521534.1
2.	<i>Syzygium pachycladum</i>	97%	0,0	97,42%	C_084389.1
3.	<i>Syzygium grande</i>	97%	0,0	97,42%	PP893287.1
4.	<i>Syzygium megacarpum</i>	97%	0,0	97,42%	NC_082027.1
5.	<i>Syzygium sayeri</i>	97%	0,0	97,42%	NC_084392.1
6.	<i>Syzygium syzygoides</i>	97%	0,0	97,42%	PP975770.1
7.	<i>Syzygium sandwicense</i>	97%	0,0	97,42%	DQ088606.1
8.	<i>Syzygium cinereum</i>	97%	0,0	97,31%	PP145305.1
9.	<i>Syzygium alatum</i>	97%	0,0	97,31%	NC_084380.1

Analisis perbandingan urutan nukleotida menggunakan BLASTn menunjukkan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) *S. pachycladum* memiliki homologi tertinggi dengan *S. pachycladum*. Hal ini ditunjukkan dengan nilai *percent identity* 99,88%, nilai *e-value* 0,0 dan *query cover* 100%. Hasil ini mengindikasikan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara kedua spesies tersebut. Analisis perbandingan urutan nukleotida menggunakan BLASTn menunjukkan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki homologi tertinggi dengan *D. humile*. Hal ini ditunjukkan dengan nilai *percent identity* sebesar 99,53%, nilai *e-value* 0,0 dan *query cover* sebesar 97%. Hasil ini mengindikasikan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara kedua spesies tersebut.

Nilai *e-value* menunjukkan seberapa mirip *query sequence* dengan *sequence reference* yang ada dalam database. Semakin rendah *e-value*, atau semakin mendekati 0,0 artinya semakin tinggi tingkat kemiripan kedua sekuen tersebut. *Percent identity* menunjukkan seberapa banyak bagian yang sama persis antara kedua sekuen yang telah

diselaraskan. Angka ini menunjukkan persentase kecocokan antara kedua sekuen tersebut. *Query cover* menunjukkan seberapa banyak dari *query sequence* yang berhasil dibandingkan dengan urutan lain di database. Seringkali, hanya sebagian dari *query sequence* yang bisa dibandingkan. Semakin besar bagian *query sequence* yang berhasil dibandingkan, semakin baik hasilnya. Semakin tinggi (%) *query cover* dan semakin rendah *e-value* menunjukkan kecocokan antara *query sequence* dengan *sequence reference* di database semakin tinggi (Newell *et al.*, 2013; Mukhopadhyay *et al.*, 2018; Pollock & Berge, 2018; Tindi *et al.*, 2019).

2.3 Pensejajaran Sekuen Myrtaceae *Region matK*

Data sekuen yang diperoleh kemudian disusun ulang menjadi urutan lengkap dan disejajarkan (*alignment*) menggunakan *software* MEGA11 dengan metode *ClustalW*. Pensejajaran dilakukan untuk melihat persamaan antara sekuen *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) dengan 18 sekuen pembanding yang diperoleh dari hasil BLAST yang dipilih dan 1 *outgroup* yaitu *Psidium guajava*. Hasil *alignment* dapat dilihat pada Lampiran 7.

Alignment seringkali digunakan untuk rekonstruksi sejarah evolusioner dari leluhur bersama. Ketidaksesuaian (*mismatch*) mengindikasikan adanya peristiwa mutasi, sementara insersi atau delesi ditunjukkan oleh adanya kesenjangan (*gap*). Hasil *alignment* menunjukkan adanya *gap* pada sekuen yang dapat dilihat pada Lampiran 7. Munculnya *gap* tersebut dikarenakan adanya *conserved* dan *variable* pada daerah *matK* (Darmayanti, dalam Zahro, 2023).

Hasil *alignment* 20 sekuen menunjukkan terdapat *conserved* 783 dan *variable* 70 yang tersaji pada Lampiran 9 dan Lampiran 10. Hasil ini berbeda dengan Dong *et al.* (2015) yang menyatakan bahwa gen *matK* dikenal sebagai salah satu gen yang paling *variable* diantara gen kloroplas lainnya. Namun, hasil ini sejalan dengan pernyataan Hollingsworth *et al.* (2016) bahwa ada urutan gen *matK* yang konservatif dalam kelompok tertentu dan mempermudah proses amplifikasi (Hollingsworth *et al.*, 2016).

2.4 Komposisi Nukleotida *Myrtaceae Region matK*

Analisis lebih lanjut dilakukan untuk menentukan komposisi nukleotida pada sekuen yang dianalisis. Analisis komposisi nukleotida bertujuan untuk menemukan persamaan genetik dan mendukung kekerabatan suatu spesies melalui laju mutasi dan evolusi (Zahro, 2023).

Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.B.153) terdiri dari timin (T) sebesar 36,5%, sitosin (C) sebesar 18,4%, adenin (A) sebesar 30,0%, dan guanin (G) sebesar 15,1%. Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.C.122) terdiri dari timin (T) sebesar 36,6%, sitosin (C) sebesar 18,3%, adenin (A) sebesar 30,1%, dan guanin (G) sebesar 15,0%.

Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) didominasi oleh basa timin dan adenin sedangkan komposisi basa sitosin dan guanin rendah. Komposisi nukleotida pada 20 sekuen didominasi oleh timin (T) dengan rata-rata 36,6% dan adenin (A) 30,0%.

Genom dengan kandungan guanin dan sitosin yang lebih tinggi menunjukkan peningkatan laju mutasi (Niu *et al.*, 2017). Rendahnya persentase

basa guanin dan sitosin mengindikasikan sifat primitif suatu spesies (Hapsari, 2015). Data lengkap mengenai komposisi basa nitrogen disajikan pada Tabel 4.3.

Tabel 4.3 Hasil Analisis Komposisi Nukleotida Myrtaceae pada *Region matK* dengan *Software* MEGA11

No.	Nama Spesies	T (U)	C	A	G	Total
1.	<i>Syzygium sp.</i> (VB.153)	36,5	18,4	30,0	15,1	853
2.	<i>Syzygium sp.</i> (VC.122)	36,6	18,3	30,1	15,0	853
3.	<i>S. pachycladum</i>	36,5	18,3	30,1	15,1	853
4.	<i>S. grande</i>	36,5	18,5	30,0	15,0	853
5.	<i>S. megacarpum</i>	36,5	18,5	30,0	15,0	853
6.	<i>S. sayeri</i>	36,6	18,3	30,0	15,1	853
7.	<i>S. syzygioides</i>	36,5	18,3	30,1	15,1	853
8.	<i>S. sandwicense</i>	36,3	18,4	30,0	15,2	853
9.	<i>S. cinereum</i>	36,3	18,3	30,1	15,2	853
10.	<i>S. alatum</i>	36,3	18,3	30,1	15,2	853
11.	<i>S. australe</i>	36,7	18,2	30,0	15,1	853
12.	<i>S. samarangense</i>	36,6	18,4	30,1	14,9	853
13.	<i>S. alatum</i>	36,3	18,3	30,1	15,2	853
14.	<i>D. parviflorum</i>	37,3	18,0	29,7	15,0	740
15.	<i>D. humile</i>	36,6	18,1	30,1	15,2	853
16.	<i>D. humile</i>	36,7	17,9	30,2	15,2	705
17.	<i>D. gracilentum</i>	36,6	18,5	29,9	15,0	793
18.	<i>X. youngii</i>	36,5	17,7	29,9	16,0	713
19.	<i>X. chrysanthus</i>	37,0	17,6	30,3	15,1	852
20.	<i>P. guajava</i>	36,7	17,8	29,5	16,0	757
	Rata-rata	36,6	18,2	30,0	15,2	825,1

2.5 Jarak Genetik

Jarak genetik dihitung menggunakan metode *pairwise distance* pada *software* MEGA11. Hasil perhitungan jarak genetik sekuen *matK* disajikan pada Tabel 4.4. Hasil analisis menunjukkan bahwa *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki jarak genetik yang dekat dengan *S. pachycladum*, *S. grande*, *S. megacarpum*, *S. sayeri*, *S. syzygoides*, *S. sandwicense* sebesar 0,0012. Sedangkan *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki jarak genetik yang dekat dengan *D. humile* sebesar 0,0043.

Jarak genetik merupakan matrik yang digunakan untuk mengukur tingkat perbedaan genetik antara dua organisme. Tingkat kekerabatan antara spesies dapat diukur melalui analisis jarak genetik. Semakin kecil nilai jarak genetik yang diperoleh maka semakin dekat hubungan antara dua organisme tersebut (Tallei *et al.*, 2016). Berdasarkan hasil perhitungan jarak genetik, *Syzygium* sp. (V.B.153) berkerabat dekat dengan *S. pachycladum*, *S. grande*, *S. megacarpum*, *S. sayeri*, *S. syzygoides*, *S. sandwicense* sedangkan *Syzygium* sp. (V.C.122) berkerabat dekat dengan *D. humile*.

Tabel 4.4 Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region matK* dengan *Software* MEGA11

Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
<i>Syzygium</i> sp. (VB.153)												
<i>Syzygium</i> sp. (VC.122)	0,0251											
<i>S. pachycladum</i>	0,0012	0,0263										
<i>S. grande</i>	0,0012	0,0263	0,0023									
<i>S. megacarpum</i>	0,0012	0,0263	0,0023	0,0000								
<i>S. sayeri</i>	0,0012	0,0263	0,0023	0,0023	0,0023							
<i>S. syzygioides</i>	0,0012	0,0263	0,0023	0,0023	0,0023	0,0023						
<i>S. sandwicense</i>	0,0012	0,0263	0,0023	0,0023	0,0023	0,0023	0,0023					
<i>S. cinereum</i>	0,0023	0,0275	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035				
<i>S. alatum</i>	0,0023	0,0275	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0047			
<i>S. australe</i>	0,0024	0,0276	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0047	0,0047		
<i>S. samarangense</i>	0,0023	0,0275	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0047	0,0047	0,0047	
<i>S. alatum</i>	0,0023	0,0275	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0035	0,0047	0,0000	0,0047	0,0047
<i>D. parviflorum</i>	0,0262	0,0068	0,0262	0,0276	0,0276	0,0276	0,0276	0,0262	0,0290	0,0290	0,0291	0,0290
<i>D. humile</i>	0,0203	0,0047	0,0215	0,0215	0,0215	0,0215	0,0215	0,0215	0,0227	0,0227	0,0227	0,0227
<i>D. humile</i>	0,0246	0,0043	0,0246	0,0261	0,0261	0,0261	0,0261	0,0246	0,0275	0,0275	0,0276	0,0275
<i>D. gracilentum</i>	0,0270	0,0089	0,0284	0,0284	0,0284	0,0284	0,0284	0,0284	0,0297	0,0297	0,0297	0,0297
<i>X. youngii</i>	0,0286	0,0494	0,0286	0,0301	0,0301	0,0301	0,0301	0,0301	0,0315	0,0315	0,0316	0,0316
<i>X. chrysanthus</i>	0,0191	0,0362	0,0203	0,0203	0,0203	0,0203	0,0203	0,0203	0,0215	0,0215	0,0215	0,0215
<i>P. guajava</i>	0,0339	0,0215	0,0352	0,0352	0,0352	0,0353	0,0352	0,0352	0,0366	0,0366	0,0367	0,0367

Keterangan: kotak merah menandakan jarak genetik spesies terdekat dengan *Syzygium* sp. (VB.153)
kotak biru menandakan jarak genetik spesies terdekat dengan *Syzygium* sp. (VC.122)

Tabel 4.4 Lanjutan Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region matK* dengan *Software* MEGA11

Spesies	13	14	15	16	17	18	19	20
<i>S. alatum</i>								
<i>D. parviflorum</i>	0,0290							
<i>D. humile</i>	0,0227	0,0027						
<i>D. humile</i>	0,0275	0,0014	0,0000					
<i>D. gracilentum</i>	0,0297	0,0068	0,0051	0,0043				
<i>X. youngii</i>	0,0315	0,0473	0,0449	0,0465	0,0479			
<i>X. chrysanthus</i>	0,0215	0,0376	0,0313	0,0365	0,0377	0,0170		
<i>P. guajava</i>	0,0366	0,0198	0,0174	0,0187	0,0228	0,0585	0,0465	

3. Analisis Profil Sekuen *Region ITS*

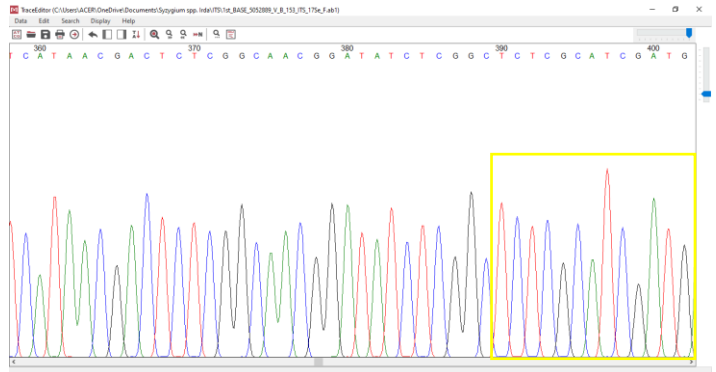
2.1 Kromatogram Sekuen Dua Jenis *Syzygium* sp.

Asal Papua

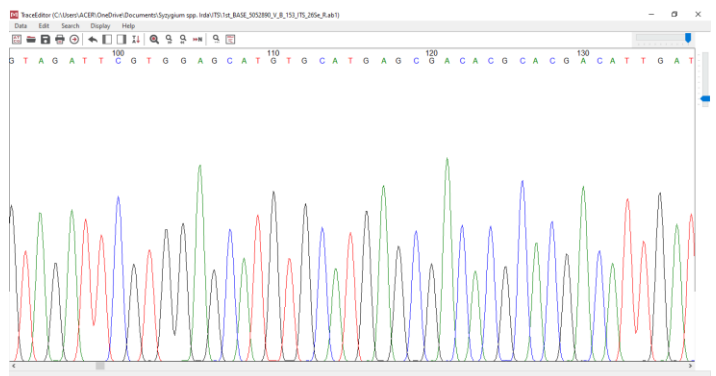
Hasil sekuensing dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor diperoleh dalam bentuk digital dengan format .ab1. File ini berisikan dua jenis data sekuensing, yaitu sekuensing *forward* dan *reverse*. Data tersebut dijadikan dalam bentuk grafik kromatogram yang menunjukkan urutan basa nitrogen penyusunan DNA. Setiap jenis basa nitrogen direpresentasikan oleh warna yang berbeda pada grafik, yaitu hijau untuk adenin, merah untuk timin, biru untuk sitosin, dan hitam untuk guanin (Mawaddah *et al.*, 2022).

Hasil sekuensing pada dua jenis *Syzygium* asal Papua menghasilkan kromatogram yang menunjukkan kualitas data yang baik, ditandai dengan puncak-puncak yang jelas dan terpisah dapat dilihat pada Gambar 4.7. Panjang sekuen yang diperoleh untuk *Syzygium* sp. (V.B.153) dari pembacaan arah *forward* dan *reverse* masing-masing adalah 840 pb dan 850 pb. Panjang sekuen yang diperoleh untuk *Syzygium* sp. (V.C.122) dari pembacaan arah *forward* dan *reverse* masing-

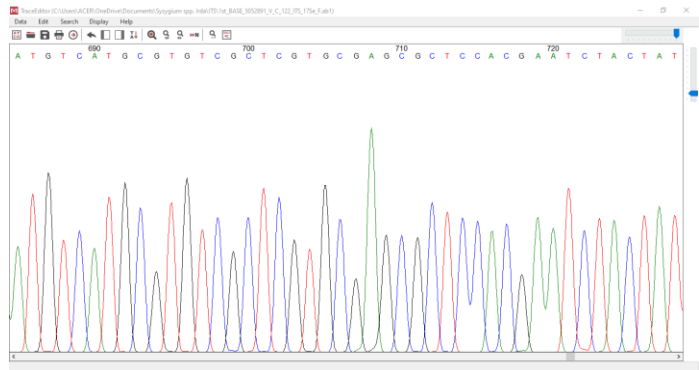
masing adalah 850 pb dan 840 pb. Kromatogram sekuen *Syzygium* sp. (V.B.153) tersaji pada Gambar 4.7 dan 4.8 dan kromatogram sekuen *Syzygium* sp. (V.C.122) tersaji pada Gambar 4.9 dan 4.10.



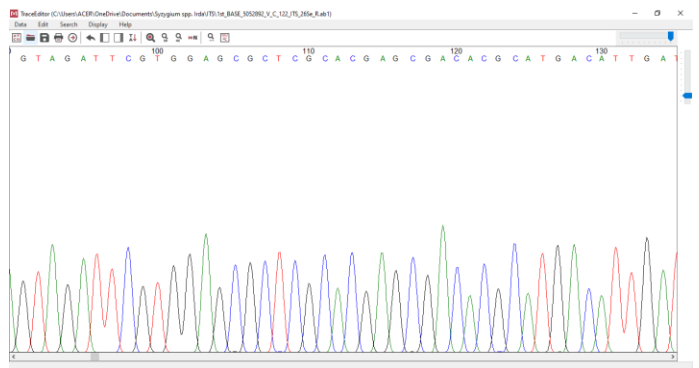
Gambar 4.7 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.B.153) *Forward Region ITS*. Kotak kuning menunjukkan bagian puncak yang jelas dan terpisah



Gambar 4.8 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.B.153) *Reverse Region ITS*



Gambar 4.9 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.C.122)
Forward Region ITS



Gambar 4.10 Kromatogram *Syzygium* sp. (V.C.122)
Reverse Region ITS

2.2 Homologi Spesies dengan Analisis BLAST

Homologi spesies dilakukan menggunakan BLAST (*Basic Local Tool Alignment Search Tool*) di website NCBI dengan tipe BLAST nukleotida (BLASTn). Hasil analisis BLASTn menunjukkan bahwa urutan nukleotida pada sampel *Syzygium* sp.

(V.B.153) memiliki homologi dengan 17 genus, diantaranya yaitu *Syzygium*, *Acca*, *Lenwebbia*, *Ugni*, *Badula*, *Campomanesia*, *Myrcia*, *Myrcianthes*, *Myrtus*, *Austromyrtus*, *Anetholea*, *Marlierea*, *Acmena*, *Calyptranthes*, *Xanthomyrtus*, *Marlierea*, dan *Eugenia* (Lampiran 5). Sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki homologi dengan 15 genus, diantaranya yaitu *Ugni*, *Myrcia*, *Acca*, *Lenwebbia*, *Campomanesia*, *Eugenia*, *Rhodomyrtus*, *Myrcianthes*, *Myrtus*, *Calyptranthes*, *Marlierea*, *Lithomyrtus*, *Hottea*, *Psidium*, dan *Austromyrtus* (Lampiran 6).

Analisis BLASTn terhadap *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) masing-masing menghasilkan 100 sekuen referensi (Lampiran 5 & 6). Dari 100 sekuen referensi, pada *Syzygium* sp. (V.B.153) dipilih sebanyak 11 sekuen referensi dan pada *Syzygium* sp. (V.C.122) dipilih 10 sekuen referensi untuk dianalisis lebih lanjut. Kriteria pemilihan sekuen referensi didasarkan pada *percent identity*, *e-value*, dan *query cover*. Hasil BLASTn *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) yang dipilih untuk analisis lebih lanjut tersaji pada Tabel 4.5 dan 4.6

Tabel 4.5 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA *Syzygium* sp. (V.B.153) *Region ITS* terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
1.	<i>Syzygium alatum</i>	93%	0,0	97,07%	OM218686.1
2.	<i>Syzygium jambos</i>	85%	0,0	98,20%	KC815991.1
3.	<i>Syzygium jambos</i>	83%	0,0	98,58%	AM234135.1
4.	<i>Syzygium aqueum</i>	86%	0,0	97,12%	OR644132.1
5.	<i>Syzygium samarangense</i>	86%	0,0	96,84%	OP897499.1
6.	<i>Syzygium aqueum</i>	84%	0,0	97,89%	OR644618.1
7.	<i>Syzygium samarangense</i>	85%	0,0	97,50%	KC815990.1
8.	<i>Syzygium samarangense</i>	85%	0,0	97,09%	OR644616.1
9.	<i>Syzygium longipes</i>	84%	0,0	97,74%	FJ972835.1
10.	<i>Syzygium australe</i>	81%	0,0	98,68%	KM064931.1
11.	<i>Syzygium paniculatum</i>	80%	0,0	98,66%	KM064993.1

Tabel 4.6 Hasil Analisis Homologi Sekuen DNA *Syzygium* sp. (V.C.122) *Region ITS* terhadap Sekuen DNA Referensi pada BLAST NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
1.	<i>Myrcia subverticillaris</i>	98%	0,0	93,98%	JN091244.1
2.	<i>Myrcia guianensis</i>	98%	0,0	98,20%	JN091224.1
3.	<i>Eugenia pyriformis</i>	99%	0,0	93,78%	KJ187639.1

No.	Nama Spesies yang Terpilih	Query Cover	E-value	Percent Identity	Accession Number
4.	<i>Myrcia vestita</i>	98%	0,0	93,99%	JN091249.1
5.	<i>Myrcia pubescens</i>	98%	0,0	93,83%	JN091234.1
6.	<i>Myrcia rufipes</i>	98%	0,0	93,26%	JN091239.1
7.	<i>Myrcia spectabilis</i>	98%	0,0	93,27%	JN091241.1
8.	<i>Eugenia neoglomerata</i>	99%	0,0	93,06%	KJ187626.1
9.	<i>Eugenia patens</i>	99%	0,0	93,07%	KJ187633.1
10.	<i>Eugenia arenosa</i>	99%	0,0	92,99%	KJ187605.1

Analisis perbandingan urutan nukleotida pada *region ITS* menggunakan BLASTn menunjukkan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki homologi tertinggi dengan *S. alatum*. Hal ini ditunjukkan dengan nilai *percent identity* 97,07%, nilai *e-value* 0,0 dan *query cover* 93%. Hasil ini mengindikasikan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara kedua spesies tersebut. Analisis perbandingan urutan nukleotida menunjukkan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) *M. subverticilliaris* memiliki homologi tertinggi dengan *M. subverticilliaris*. Hal ini ditunjukkan dengan nilai *percent identity* 93,98%, nilai *e-value* 0,0 dan *query cover* 98%. Hasil ini mengindikasikan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara kedua spesies tersebut.

Nilai *e-value* menunjukkan seberapa mirip *query sequence* dengan *sequence reference* yang ada dalam database. Semakin rendah *e-value*, atau semakin mendekati 0,0 artinya semakin tinggi tingkat kemiripan kedua sekuen tersebut. *Percent identity* menunjukkan seberapa banyak bagian yang sama persis antara kedua sekuen yang telah diselaraskan. Angka ini menunjukkan persentase kecocokan antara kedua sekuen tersebut. *Query cover* menunjukkan seberapa banyak dari *query sequence* yang berhasil dibandingkan dengan urutan lain di database. Seringkali, hanya sebagian dari *query sequence* yang bisa dibandingkan. Semakin besar bagian *query sequence* yang berhasil dibandingkan, semakin baik hasilnya. Semakin tinggi (%) *query cover* dan semakin rendah *e-value* menunjukkan kecocokan antara *query sequence* dengan *sequence reference* di database semakin tinggi (Newell *et al.*, 2013; Mukhopadhyay *et al.*, 2018; Pollock & Berge, 2018; Tindi *et al.*, 2019).

2.3 Pensejajaran Sekuen *Myrtaceae Region ITS*

Data sekuen yang diperoleh kemudian disusun ulang menjadi urutan lengkap dan disejajarkan (*alignment*) menggunakan *software* MEGA11

dengan metode *ClustalW*. Pensejajaran dilakukan untuk melihat persamaan antara sekuen *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) dengan 20 sekuen pembanding yang diperoleh dari hasil BLAST yang dipilih dan 1 *outgroup* yaitu *Psidium guajava*. Hasil *alignment* dapat dilihat pada Lampiran 8.

Alignment seringkali digunakan untuk rekonstruksi sejarah evolusioner dari leluhur bersama. Ketidaksesuaian (*mismatch*) mengindikasikan adanya peristiwa mutasi, sementara insersi atau delesi ditunjukkan oleh adanya kesenjangan (*gap*). Hasil *alignment* menunjukkan adanya *gap* pada sekuen (Lampiran 8). Munculnya *gap* tersebut dikarenakan adanya *conserved* dan *variable* pada daerah *ITS* (Darmayanti, dalam Zahro, 2023).

Hasil *alignment* 33 sekuen menunjukkan terdapat *conserved* 533 dan *variable* 231 yang tersaji pada Lampiran 11 dan Lampiran 12. Hasil ini sesuai dengan Yeng *et al.* dalam Rahayu & Jannah (2019) yang menyatakan bahwa *ITS* mempunyai tingkat *conserve* yang sangat tinggi Yeng *et al.* dalam Rahayu & Jannah, 2019. Gen *ITS*

memiliki variasi antarspesies yang cukup signifikan, namun tetap terkonservasi di tingkat yang cukup tinggi, sehingga memungkinkan untuk membedakan spesies bahkan dalam famili tumbuhan berbunga yang kompleks (Chen *et al.*, 2023).

2.4 Komposisi Nukleotida Myrtaceae Region ITS

Data sekuen yang diperoleh kemudian disusun ulang menjadi urutan lengkap dan disejajarkan menggunakan *software* MEGA11. Analisis lebih lanjut dilakukan untuk menentukan komposisi nukleotida pada sekuen yang dianalisis. Analisis komposisi nukleotida bertujuan untuk menemukan persamaan genetik dan mendukung kekerabatan suatu spesies (Zahro, 2023).

Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.B.153) terdiri dari timin (T) sebesar 20,9%, sitosin (C) sebesar 27,4%, adenin (A) sebesar 23,7%, dan guanin (G) sebesar 28,1%. Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.C.122) terdiri dari timin (T) sebesar 20,7%, sitosin (C) sebesar 27,6%, adenin (A) sebesar 23,7%, dan guanin (G) sebesar 28,0%.

Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *Syzygium* sp. (V.C.122) didominasi oleh basa sitosin dan guanin sedangkan komposisi basa timin dan adenin rendah. Komposisi nukleotida pada 33 sekuen didominasi oleh sitosin (C) dengan rata-rata 28,4% dan guanin (G) 28,2%. Hasil ini relevan dengan komposisi dari sekuen *ITS* yang mengandung banyak basa sitosin dan guanin (Aprilianingsih, 2021). Genom dengan kandungan guanin dan sitosin yang lebih tinggi menunjukkan peningkatan laju mutasi (Niu *et al.*, 2017). Data lengkap mengenai komposisi nukleotida disajikan pada Tabel 4.7

Tabel 4.7 Hasil Analisis Komposisi Nukleotida Myrtaceae pada *Region ITS* dengan *Software* MEGA11

No.	Nama Spesies	T (U)	C	A	G	Total
1.	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	20,9	27,4	23,7	28,1	748
2.	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)	20,7	27,6	23,7	28,0	754
3.	<i>S. alatum</i>	21,2	27,6	23,6	27,5	749
4.	<i>S. jambos</i>	20,3	28,2	23,1	28,3	709
5.	<i>S. aqueum</i>	19,6	28,8	22,7	28,9	709
6.	<i>S. jambos</i>	20,5	28,1	23,2	28,2	702
7.	<i>S. samarangense</i>	20,3	28,1	23,6	28,1	709
8.	<i>S. aqueum</i>	21,0	28,7	22,4	28,0	701
9.	<i>S. samarangense</i>	20,6	28,5	22,7	28,3	710

No.	Nama Spesies	T (U)	C	A	G	Total
10.	<i>S. samarangense</i>	20,3	28,3	23,5	27,9	703
11.	<i>M. subverticillaris</i>	21,6	27,3	23,3	27,8	751
12.	<i>S. longipes</i>	21,8	27,4	22,5	28,4	708
13.	<i>S. australe</i>	21,0	28,6	22,0	28,4	676
14.	<i>S. paniculatum</i>	21,0	28,8	21,9	28,2	670
15.	<i>M. guianensis</i>	21,6	27,0	23,6	27,8	751
16.	<i>E. pyriformis</i>	20,8	27,7	23,3	28,2	751
17.	<i>M. vestita</i>	21,6	27,2	23,2	27,9	749
18.	<i>M. pubescens</i>	21,8	26,8	23,4	28,0	749
19.	<i>M. rufipes</i>	21,9	27,0	23,4	27,8	745
20.	<i>M. spectabilis</i>	21,8	27,0	23,6	27,6	751
21.	<i>E. neoglomerata</i>	20,5	28,1	22,8	28,6	751
22.	<i>E. patens</i>	21,2	27,6	23,2	28,0	750
23.	<i>E. arenosa</i>	21,1	28,0	23,1	27,9	754
24.	<i>D. vitis</i>	21,3	28,1	21,7	28,9	630
25.	<i>D. parviflorum</i>	20,4	28,1	23,0	28,5	636
26.	<i>D. parviflorum</i>	22,0	27,6	22,0	28,4	587
27.	<i>D. fruticosum</i>	21,7	27,4	22,2	28,8	636
28.	<i>D. humile</i>	20,5	28,6	23,0	27,9	709
29.	<i>X. chrysanthus</i>	18,5	32,6	19,9	29,0	599
30.	<i>X. aurantiacus</i>	17,3	32,7	20,7	29,3	646
31.	<i>X. chrysanthus</i>	18,2	32,1	20,6	29,1	664
32.	<i>X. chrysanthus</i>	19,2	32,1	20,0	28,7	574
33.	<i>P. guajava</i>	20,9	29,3	21,9	28,0	608
	Rata-rata	20,7	28,4	22,7	28,2	698,2

2.5 Jarak Genetik

Hasil perhitungan jarak genetik pada sekuen *ITS* disajikan pada Tabel 4.8. Hasil analisis menunjukkan bahwa *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki jarak genetik yang dekat dengan *S. jambos* sebesar 0,0102. Sedangkan *Syzygium* sp.

(V.C.122) memiliki jarak genetik yang dekat dengan *D. humile* sebesar 0,0308.

Jarak genetik merupakan matrik yang digunakan untuk mengukur tingkat perbedaan genetik antara dua organisme. Tingkat kekerabatan antara spesies dapat diukur melalui analisis jarak genetik. Semakin kecil nilai jarak genetik yang diperoleh maka semakin dekat hubungan antara dua organisme tersebut (Tallei *et al.*, 2016). Berdasarkan hasil perhitungan jarak genetik, *Syzygium* sp. (V.B.153) berkerabat dekat dengan *S. jambos* dan *Syzygium* sp. (V.C.122) berkerabat dekat dengan *D. humile*.

Tabel 4.8 Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region ITS* dengan *Software* MEGA11

Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Syzygium sp. (V.B.153)													
Syzygium sp. (V.B.122)	0,1019												
<i>S. alatum</i>	0,0304	0,1024											
<i>S. jambos</i>	0,0159	0,1185	0,0413										
<i>S. aqueum</i>	0,0187	0,1083	0,0413	0,0265									
<i>S. jambos</i>	0,0102	0,1128	0,0356	0,0060	0,0233								
<i>S. samarangense</i>	0,0188	0,1027	0,0306	0,0175	0,0265	0,0185							
<i>S. aqueum</i>	0,0207	0,1133	0,0325	0,0221	0,0238	0,0202	0,0015						
<i>S. samarangense</i>	0,0247	0,1134	0,0396	0,0232	0,0310	0,0245	0,0014	0,0101					
<i>S. samarangense</i>	0,0220	0,1108	0,0339	0,0192	0,0282	0,0172	0,0057	0,0000	0,0029				
<i>M. subverticillaris</i>	0,0775	0,0699	0,0843	0,0901	0,0877	0,0844	0,0818	0,0885	0,0871	0,0878			
<i>S. longipes</i>	0,0217	0,1095	0,0397	0,0235	0,0327	0,0277	0,0205	0,0251	0,0262	0,0222	0,0835		
<i>S. australe</i>	0,0136	0,1097	0,0321	0,0182	0,0231	0,0160	0,0121	0,0166	0,0181	0,0137	0,0824	0,0150	
<i>S. paniculatum</i>	0,0122	0,1090	0,0308	0,0168	0,0218	0,0145	0,0107	0,0153	0,0167	0,0123	0,0815	0,0136	0,0000
<i>M. guianensis</i>	0,0780	0,0731	0,0847	0,0869	0,0899	0,0849	0,0823	0,0891	0,0876	0,0883	0,0054	0,0839	0,0829
<i>E. pyriformis</i>	0,0895	0,0740	0,0935	0,0998	0,0969	0,0941	0,0931	0,1016	0,1000	0,1009	0,0357	0,0963	0,0959
<i>M. vestita</i>	0,0794	0,0734	0,0862	0,0922	0,0899	0,0865	0,0839	0,0907	0,0892	0,0900	0,0040	0,0855	0,0846
<i>M. pubescens</i>	0,0830	0,0768	0,0883	0,0961	0,0938	0,0903	0,0877	0,0946	0,0931	0,0939	0,0095	0,0893	0,0885
<i>M. rufipes</i>	0,0781	0,0754	0,0866	0,0893	0,0884	0,0835	0,0825	0,0892	0,0878	0,0885	0,0054	0,0841	0,0831
<i>M. spectabilis</i>	0,0811	0,0783	0,0880	0,0940	0,0917	0,0883	0,0857	0,0925	0,0910	0,0918	0,0136	0,0910	0,0865
<i>E. neoglomerata</i>	0,0928	0,0792	0,0994	0,1027	0,1025	0,0971	0,0911	0,1014	0,0997	0,0989	0,0433	0,0997	0,0994

Tabel 4.8 Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region ITS* dengan *Software* MEGA11

Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>E. patens</i>	0,0849	0,0790	0,0951	0,0980	0,0953	0,0924	0,0900	0,0985	0,0969	0,0977	0,0473	0,0912	0,0905
<i>E. arenosa</i>	0,0898	0,0865	0,0984	0,1033	0,0990	0,0976	0,0936	0,1022	0,1006	0,1014	0,0516	0,0929	0,0923
<i>D. vitis</i>	0,1322	0,0148	0,1305	0,1406	0,1324	0,1365	0,1235	0,1365	0,1346	0,1297	0,0858	0,1275	0,1299
<i>D. parviflorum</i>	0,1554	0,0512	0,1578	0,1645	0,1531	0,1696	0,1465	0,1570	0,1575	0,1503	0,1056	0,1545	0,1525
<i>D. parviflorum</i>	0,2028	0,0848	0,2051	0,2107	0,1984	0,2083	0,1928	0,2044	0,2031	0,1971	0,1550	0,2015	0,1991
<i>D. fruticosum</i>	0,1260	0,0112	0,1241	0,1341	0,1260	0,1301	0,1174	0,1302	0,1283	0,1234	0,0824	0,1214	0,1260
<i>D. humile</i>	0,1001	0,0308	0,1083	0,1141	0,1136	0,1017	0,1046	0,1147	0,1108	0,1062	0,0636	0,1105	0,1107
<i>X. chrysanthus</i>	0,1357	0,1546	0,1448	0,1266	0,1321	0,1281	0,1253	0,1350	0,1352	0,1294	0,1183	0,1350	0,1274
<i>X. aurantiacus</i>	0,1223	0,1415	0,1222	0,1157	0,1208	0,1229	0,1109	0,1213	0,1175	0,1202	0,1111	0,1214	0,1145
<i>X. chrysanthus</i>	0,1243	0,1467	0,1325	0,1164	0,1215	0,1198	0,1150	0,1260	0,1239	0,1209	0,1123	0,1237	0,1170
<i>X. chrysanthus</i>	0,1094	0,1243	0,1193	0,1053	0,1037	0,1119	0,1012	0,1088	0,1110	0,1030	0,1003	0,1114	0,1014
<i>P. guajava</i>	0,1552	0,1079	0,1603	0,1540	0,1536	0,1497	0,1385	0,1473	0,1428	0,1403	0,0894	0,1456	0,1448

Keterangan: kotak merah menandakan jarak genetik spesies terdekat dengan *Syzygium* sp. (V.B.153)

kotak biru menandakan jarak genetik spesies terdekat dengan *Syzygium* sp. (V.C.122)

Tabel 4.8 Lanjutan Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region ITS* dengan *Software* MEGA11

Spesies	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
<i>S. paniculatum</i>													
<i>M. guianensis</i>	0,0820												
<i>E. pyriformis</i>	0,0951	0,0386											
<i>M. vestita</i>	0,0837	0,0095	0,0344										
<i>M. pubescens</i>	0,0877	0,0136	0,0402	0,0054									
<i>M. rufipes</i>	0,0822	0,0109	0,0346	0,0013	0,0068								
<i>M. spectabilis</i>	0,0856	0,0178	0,0416	0,0094	0,0095	0,0109							
<i>E. neoglomerata</i>	0,0987	0,0464	0,0304	0,0450	0,0510	0,0454	0,0525						
<i>E. patens</i>	0,0897	0,0503	0,0358	0,0475	0,0534	0,0492	0,0549	0,0405					
<i>E. arenosa</i>	0,0915	0,0547	0,0400	0,0518	0,0579	0,0537	0,0593	0,0419	0,0121				
<i>D. vitis</i>	0,1293	0,0898	0,0968	0,0901	0,0925	0,0928	0,0964	0,0994	0,1031	0,1104			
<i>D. parviflorum</i>	0,1508	0,1076	0,1127	0,1101	0,1107	0,1089	0,1164	0,1219	0,1231	0,1306	0,0500		
<i>D. parviflorum</i>	0,1973	0,1550	0,1587	0,1581	0,1613	0,1571	0,1592	0,1701	0,1633	0,1720	0,0843	0,0667	
<i>D. fruticosum</i>	0,1254	0,0844	0,0931	0,0867	0,0891	0,0893	0,0928	0,0959	0,0991	0,1063	0,0163	0,0459	0,0819
<i>D. humile</i>	0,1100	0,0670	0,0712	0,0621	0,0671	0,0642	0,0688	0,0683	0,0729	0,0808	0,0403	0,0758	0,1074
<i>X. chrysanthus</i>	0,1256	0,1223	0,1365	0,1137	0,1229	0,1120	0,1232	0,1352	0,1354	0,1352	0,1534	0,1907	0,2138
<i>X. aurantiacus</i>	0,1129	0,1130	0,1233	0,1069	0,1095	0,1053	0,1150	0,1245	0,1197	0,1175	0,1501	0,1713	0,2017
<i>X. chrysanthus</i>	0,1155	0,1159	0,1252	0,1082	0,1164	0,1067	0,1183	0,1240	0,1242	0,1241	0,1547	0,1891	0,2135
<i>X. chrysanthus</i>	0,0996	0,1019	0,1131	0,0958	0,1029	0,0941	0,0962	0,1124	0,1127	0,1126	0,1303	0,1521	0,1824
<i>P. guajava</i>	0,1430	0,0935	0,1029	0,0897	0,0938	0,0924	0,0958	0,1077	0,1154	0,1176	0,1025	0,1345	0,1706

Tabel 4.8 Lanjutan Jarak Genetik Myrtaceae pada *Region ITS* dengan *Software* MEGA11

Spesies	27	28	29	30	31	32	33
<i>D. fruticosum</i>							
<i>D. humile</i>	0,0364						
<i>X. chrysanthus</i>	0,1587	0,1484					
<i>X. aurantiacus</i>	0,1526	0,1362	0,0348				
<i>X. chrysanthus</i>	0,1532	0,1383	0,0034	0,0315			
<i>X. chrysanthus</i>	0,1359	0,1272	0,0037	0,0289	0,0000		
<i>P. guajava</i>	0,1088	0,0843	0,1978	0,1782	0,1945	0,1711	

B. Hubungan Filogenetik Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor Berdasarkan Karakter Molekuler

Pembuatan pohon filogenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua pada sekuen *matK* dilakukan menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model substitusi nukleotida *Tamura 3-parameter* dan *bootstrap replication* 1000 kali. Sedangkan pembuatan pohon filogenetik pada sekuen *ITS* dilakukan menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) dengan model substitusi nukleotida *Tamura-Nei + Gamma distributed* (G) serta *bootstrap replication* 1000 kali. Model substitusi nukleotida yang optimal ditentukan melalui algoritma *find best model* yang ada pada *software* MEGA11.

Metode *Neighbor-Joining* (NJ) digunakan dalam penelitian ini karena metode *Neighbor-Joining* (NJ) merupakan salah satu metode yang paling umum digunakan dalam analisis filogenetik karena kemampuannya memberikan estimasi yang cepat dan akurat mengenai hubungan kekerabatan antar spesies berdasarkan data sekuen DNA (Suriana *et al.*, 2019).

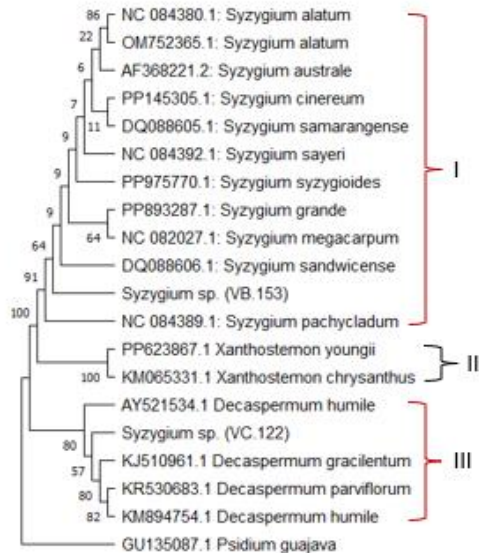
1. Pohon Filogenetik Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Berdasarkan Sekuen *matK*

Analisis filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbor Joining* (NJ) dengan model substitusi

nukleotida *Tamura 3-parameter*. Konstruksi pohon filogenetik dilakukan menggunakan dua sekuen *contig* dari dua sampel yang diteliti, sekuen hasil BLAST, dan sekuen *matK* dari *Psidium guajava* (GU135087.1) sebagai *outgroup*. Sama seperti *Syzygium*, *Psidium* termasuk famili *Myrtaceae* namun keduanya merupakan genus yang berbeda. *P. guajava* juga digunakan sebagai *outgroup* dalam penelitian yang dilakukan oleh Irawan *et al.* (2021) untuk memperjelas hubungan filogenetik antar *Syzygium*. Dalam proses *rooting*, syarat pemilihan taksa yang sesuai yaitu taksa yang berada diluar *ingroup* namun memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan *ingroup* (Rahayu & Jannah, 2019).

Selain sekuen *contig* sampel dan sekuen hasil BLAST, ditambahkan pula sekuen *region matK* dari *D. humile* (KM894754.10), *D. gracilentum* (KJ510961.1), *D. parviflorum* (KR530683.1), *X. youngii* (PP623867.1) dan *X. chrysanthus* (KM065331.1). Penambahan ini dilakukan karena munculnya *D. humile* (AY521534.1) pada hasil BLAST dan diduga adanya kemiripan morfologi genus *Decaspermum* dan *Xanthostemon* dengan sampel yang diteliti. Sekuen spesies tersebut diperoleh dari *GenBank* NCBI. Hasil rekonstruksi

kekerabatan antar takson disajikan dalam bentuk pohon filogenetik pada Gambar 4.11.



Gambar 4.11 Pohon Filogenetik Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua dan Sekuen Referensi pada *Region matK* dengan Metode *Neighbor-Joining Model Tamura 3-parameter* Menggunakan *Outgroup P. guajava*

Pohon filogenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua yang dihasilkan menunjukkan bahwa *region matK* mampu membedakan berbagai genus. Terlihat bahwa semua *Syzygium* membentuk kelompok tersendiri dan terpisah dari genus lainnya. Pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan terbentuknya tiga *clade*.

Clade I mencakup *S. alatum*, *S. australe*, *S. Cinereum*, *S. samarangense*, *S. Sayeri*, *S. grande*, *S. megacarpum*, *S. syzygoides*, *S. sandwicense*, *Syzygium* sp. (V.B.153) dan *S. pachycladum*. *Clade II* mencakup *D. humile*, *Syzygium* sp. (V.C.122), *D. gracilentum*, dan *D. parviflorum*. *Clade III* mencakup *X. youngii* dan *X. chrysanthus*.

Berdasarkan hasil analisis, sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) berada pada *clade I* yang merupakan *cluster* genus *Syzygium*. Pada *clade I*, *Syzygium* sp. (V.B.153) lebih dekat dengan *S. pachycladum* dengan nilai *bootstrap* 91. Oleh karena itu, dapat dipastikan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) benar merupakan genus *Syzygium*. Sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) berada pada *clade III* yang merupakan *cluster* genus *Decaspermum*. Oleh karena itu, dapat dipastikan bahwa sampel *Syzygium* sp. (V.C.122) merupakan genus *Decaspermum* bukan genus *Syzygium*.

Nilai *bootstrap* dapat dilihat pada cabang-cabang pohon filogenetik. Nilai *bootstrap* yang tinggi mengindikasikan tingkat kepercayaan yang kuat terhadap pohon filogenetik yang dihasilkan. Hal ini menunjukkan bahwa takson dalam pohon tersebut sangat reliabel (Saleky *et al.*, 2020). Pohon filogenetik *matK* menunjukkan hubungan kekerabatan *Syzygium*

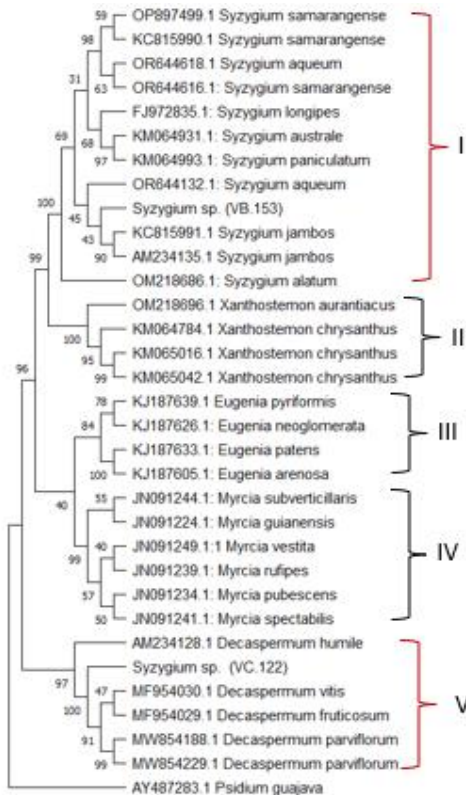
dengan nilai *bootstrap* 91 dan kekerabatan *Decaspermum* dengan nilai *bootstrap* 80. Pohon filogenetik *matK* memiliki beberapa cabang dengan nilai *bootstrap* yang tinggi, namun beberapa cabang memiliki nilai *bootstrap* yang rendah. Suatu *clade* dapat dipercaya apabila memiliki nilai *bootstrap* lebih dari 70 (Hills & Bull dalam Pangestika *et al.*, 2015). Nilai *bootstrap* yang tinggi menunjukkan dukungan yang kuat terhadap hipotesis bahwa spesies-spesies dalam cabang tersebut memiliki kekerabatan yang dekat (Holmes, 2003).

2. Pohon Filogenetik Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Berdasarkan Sekuen *ITS*

Analisis filogenetik dilakukan menggunakan metode *Neighbor Joining* (NJ) dengan model substitusi nukleotida *Tamura-Nei + Gamma*. Konstruksi pohon filogenetik menggunakan dua sekuen *contig* dari dua sampel yang diteliti, sekuen hasil BLAST, dan sekuen *ITS* dari *P. guajava* (AY487283.1) sebagai *outgroup*. Sama seperti *Syzygium*, *Psidium* termasuk famili Myrtaceae namun keduanya merupakan genus yang berbeda. *P. guajava* juga digunakan sebagai *outgroup* dalam penelitian yang dilakukan oleh Irawan *et al.* (2021) untuk memperjelas hubungan filogenetik antar

Syzygium. Dalam proses *rooting*, syarat pemilihan taksa yang sesuai yaitu taksa yang berada diluar *ingroup* namun memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan *ingroup* (Rahayu & Jannah, 2019).

Selain sekuen *contig* sampel dan sekuen hasil BLAST, ditambahkan pula sekuen *X. aurantiacus* (OM218696.1), *X. chrysanthus* (KM064784.1, KM065042.1, dan KM065016.1), *D. humile* (AM234128.1), *D. fruticosum* (MF954029.1), *D. vitis-idea* (MF954030.1), *D. parviflorum* (MW854188.1 & MW854229.1) yang diperoleh dari *GeneBank* NCBI. Penambahan sekuen ini dilakukan karena pada pohon filogenetik *region matK*, *Syzygium* sp. (V.C.122) membentuk *cluster* dengan genus *Decaspermum*. Hasil rekonstruksi kekerabatan antar takson disajikan dalam bentuk pohon filogenetik pada Gambar 4.12.



Gambar 4.12 Pohon Filogenetik Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua dan Sekuen Referensi pada *Region ITS* dengan Metode *Neighbor-Joining Model Tamura-Nei* Menggunakan *Outgroup P. guajava*

Pohon filogenetik dua jenis *Syzygium* asal Papua yang dihasilkan menunjukkan bahwa *region ITS* mampu membedakan berbagai genus. Terlihat bahwa semua *Syzygium* membentuk kelompok tersendiri dan terpisah dari genus lainnya. Pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan terbentuknya lima *clade*.

Clade I mencakup *S. samarangense*, *S. aqueum*, *Syzygium* sp. (V.B.153), *S. longipes*, *S. australe*, *S. pariculatum*, *S. jambos*, dan *S. alatum*. *Clade* II mencakup *X. aurantiacus* dan *X. chrysanthus*. *Clade* III mencakup *E. pyriformis*, *E. neoglomerata*, *E. patens* dan *E. arenosa*. *Clade* IV mencakup *M. subverticillaris*, *M. guianensis*, *M. vestita*, *M. rufipes*, *M. pubescens*, dan *M. spectabilis*. *Clade* V mencakup *D. humile*, *D. vitis*, *D. parviflorum* dan *Syzygium* sp. (V.C.122).

Berdasarkan hasil analisis, sampel *Syzygium* sp. (V.B.153) berada pada *clade* I yang merupakan *cluster* genus *Syzygium*. Pada *clade* I, *Syzygium* sp. (V.B.153) lebih dekat dengan *S. aqueum* dan *S. jambos*. Namun, nilai *bootstrap* yang dihasilkan masih tergolong rendah yaitu 45 dan 43 sehingga belum dapat dipastikan bahwa *Syzygium* sp. (V.B.153) adalah salah satu jenis dari keduanya. *Syzygium* sp. (V.B.153) termasuk subgenus *Syzygium* karena membentuk *cluster* dengan *S. aqueum* dan *S. jambos*. Penelitian Craffen & Biffin (2010), mengkategorikan *S. aqueum* dan *S. jambos* sebagai subgenus *Syzygium* dalam pohon hubungan kladistik subgenus *Syzygium*. *Syzygium* sp. (V.C.122) berada pada *clade* V yang merupakan *cluster* genus *Decaspermum*. Hasil ini mengkonfirmasi pohon

filogenetik *region matK* bahwa *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk genus *Decaspermum* bukan genus *Syzygium*.

Nilai *bootstrap* dapat dilihat pada cabang-cabang pohon filogenetik. Nilai *bootstrap* yang tinggi mengindikasikan tingkat kepercayaan yang kuat terhadap pohon filogenetik yang dihasilkan. Hal ini menunjukkan bahwa takson dalam pohon tersebut sangat reliabel (Saleky *et al.*, 2020). Pohon filogenetik *ITS* menunjukkan hubungan kekerabatan *Syzygium* dengan nilai *bootstrap* 100 dan kekerabatan *Decaspermum* dengan nilai *bootstrap* 97. Pohon filogenetik *ITS* dinilai memiliki nilai *bootstrap* yang tinggi karena suatu *clade* dapat dipercaya apabila memiliki nilai *bootstrap* lebih dari 70 (Hills & Bull dalam Pangestika *et al.*, 2015).

Syzygium sp. (V.B.153) memiliki kekerabatan yang dekat dengan *S. pachycladum* dengan nilai *bootstrap* 91 pada pohon filogenetik *matK*. Namun, karena tidak ditemukannya sekuen *S. pachycladum* pada *region ITS* di *GenBank* NCBI membuat hasil analisis pohon filogenetik pada *region ITS* belum maksimal. Hal ini disebabkan oleh adanya keterbatasan data yaitu tidak ditemukannya sekuen *S. pachycladum* pada *region ITS* sehingga identifikasi *Syzygium* sp. (V.B.153) pada

region ITS baru dapat teridentifikasi hingga tingkat subgenus.

C. Deskripsi Karakter Morfologi *Syzygium* Asal Papua

Deskripsi karakter morfologi dilakukan pada dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor pada vak V.B.153 dan V.C.122. Digunakan 30 jenis herbarium *Syzygium* asal Papua koleksi Herbarium Bogoriense juga dideskripsikan karakter morfologinya sebagai pembanding morfologi.

Selain menggunakan herbarium kering koleksi Herbarium Bogoriense, digunakan pula herbarium kering *S. Pachycladum* dan 5 spesies *Decaspermum* yang datanya diperoleh dari *website Global Biodiversity Information Facility* sebagai pembanding morfologi. Penambahan enam jenis herbarium kering ini dikarenakan enam spesies tersebut muncul pada analisis BLAST dan memiliki kekerabatan yang dekat dengan sampel berdasarkan nilai *bootstrap* pada pohon filogenetik.

1. Deskripsi Karakter Morfologi Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

Karakterisasi morfologi hanya dilakukan pada karakter vegetatif dikarenakan kedua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor belum memasuki

fase berbunga maupun berbuah. Sebanyak 25 karakter berhasil diamati pada masing-masing spesimen hidup. Karakter tersebut diantaranya yaitu panjang, lebar, warna daun muda dan dewasa pada bagian *adaxial* dan *abaxial*, bentuk, ujung, pangkal, tepi, *secondary vein*, *intramaginal vein*, venasi, perlekatan, panjang *petiole*, tata letak, tipe, kelengkapan dan permukaan daun. Selain itu, diamati pula diameter, bentuk dan warna ranting serta jenis dan permukaan batang. Hasil karakterisasi morfologi dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dapat dilihat pada Tabel 4.9. Gambaran umum *Syzygium* sp. (V.B.153) dapat dilihat pada Gambar 4.13 dan *Syzygium* sp. (V.C.122) pada Gambar 4.14.

Tabel 4.9 Karakter Morfologi Dua Jenis *Syzygium* asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

No.	Karakter	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)
1.	Ukuran (P & L)	12,7 cm & 4,96 cm	5,44 cm & 1,74 cm
2.	Warna daun muda (<i>adaxial</i>)	<i>Brownish orange</i> 166 (C)	<i>Moderate purplish pink</i>
3.	Warna daun muda (<i>abaxial</i>)	<i>Moderate yellowish pink</i> N170 (D)	<i>Pale purplish pink</i> 62 (D)

Tabel 4.9 Karakter Morfologi Dua Jenis *Syzygium* asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

No.	Karakter	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)
4.	Warna daun dewasa (<i>adaxial</i>)	<i>Greyish olive green</i> NN137 (B)	<i>Moderate yellow green</i> 138 (C)
5.	Warna daun dewasa (<i>abaxial</i>)	<i>Moderate yellow green</i> 146 (B)	<i>Strong yellow green</i> 143 (C)
6.	Bentuk daun	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>
7.	Ujung daun	<i>Acute</i>	<i>Acuminate</i>
8.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>
9.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>
10.	<i>Secondary vein (pairs)</i>	12 <i>slightly prominent</i>	17 <i>slightly prominent</i>
11.	<i>Intramaginal vein</i>	0,6 cm	0,1 cm
12.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>
13.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/stalked</i>	<i>Petiolate/stalked</i>
14.	Panjang <i>petiole</i>	3,03 cm	3,67 cm
15.	Tata letak daun	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>
16.	Permukaan daun	Gundul	Gundul
17.	Tipe daun	Tunggal	Tunggal
18.	Kelengkapan daun	Tidak lengkap	Tidak lengkap
19.	Tunas pada ujung daun	Ada	Tidak ada
20.	Diameter ranting	3,03 mm	1,35 mm
21.	Bentuk ranting	<i>Angular</i>	<i>Terete</i>

Tabel 4.9 Karakter Morfologi Dua Jenis *Syzygium* asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor

No.	Karakter	<i>Syzygium</i> sp. (V.B.153)	<i>Syzygium</i> sp. (V.C.122)
22.	Warna ranting	<i>Moderate yellow-green</i> (A) N148	<i>Moderate olive brown</i> (A) N199
23.	Jenis batang	Berkayu	Berkayu
24.	Permukaan batang	<i>Peeling</i>	<i>Scaly</i>
25.	Habitus	Pohon	Semak

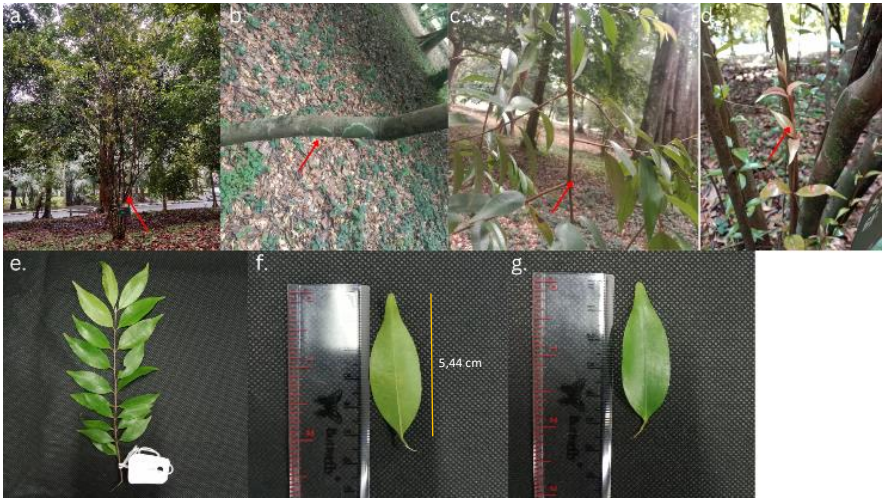
Syzygium sp. pada vak V.B.153 berhabitus pohon, daunnya berwarna *greyish olive green* NN137 (B) pada bagian *adaxial* dan pada bagian *abaxial* berwarna *moderate yellow green* 146 (B). Daunnya berbentuk *elliptic* dengan ujung daun *acute* dan pangkal daun *cuneate* serta tepi daunnya *entire*. Daunnya memiliki *secondary vein* sebanyak 12 pasang yang *slightly prominent*. Memiliki *intramaginal vein* 0,6 cm dari tepi daun, venasinya *brochidodromous* dan memiliki tunas pada ujung daun. Morfologi *Syzygium* sp. (V.B.153) dapat dilihat pada Gambar 4.15.



Gambar 4.15 Morfologi *Syzygium* sp. (V.B.153) Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor. a. Perawakan pohon, b. Permukaan kulit batang, c. Ranting pohon, d. Daun muda, e. Daun dewasa, f. *Abaxial*, g. *Adaxial*, h. Tunas pada ujung daun. Panah merah menunjukkan perawakan pohon, ranting pohon, daun muda, dan tunas pada ujung daun. Garis kuning menunjukkan panjang daun (Sumber: Dokumentasi penelitian, 2024)

Syzygium sp. pada vak V.C.122 berhabitus semak, daunnya berwarna *moderate yellow green* 138 (C) pada bagian *adaxial* dan pada bagian *abaxial* berwarna *strong yellow green* 143 (C). Daunnya berbentuk *lanceolate* dengan ujung daun *acuminate* dan pangkal daun *cuneate* serta tepi daunnya *entire*. Daunnya memiliki *secondary vein* sebanyak 17 pasang yang

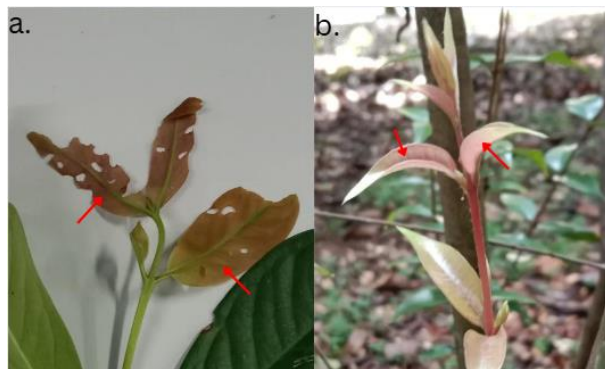
slightly prominent. Memiliki *intramaginal vein* 3,67 cm dari tepi daun dan venasinya *brochidodromous*. Morfologi *Syzygium* sp. (V.C.122) dapat dilihat pada Gambar 4.16.



Gambar 4.16 Morfologi *Syzygium* sp. (V.C.122) Asal Papua Koleksi Kebun Raya Bogor. a. Perawakan pohon, b. Permukaan kulit batang, c. Ranting pohon, d. Daun muda, e. Daun dewasa, f. *Abaxial*, g. *Adaxial*. Panah merah menunjukkan perawakan pohon, permukaan kulit batang, ranting pohon, dan daun muda. Garis kuning menunjukkan panjang daun (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

Dari 25 karakter morfologi yang diamati, beberapa karakter memiliki variasi sifat karakter morfologi. Pada bagian daun diantaranya yaitu, warna daun muda dan dewasa pada bagian *adaxial* dan *abaxial* pada dua jenis

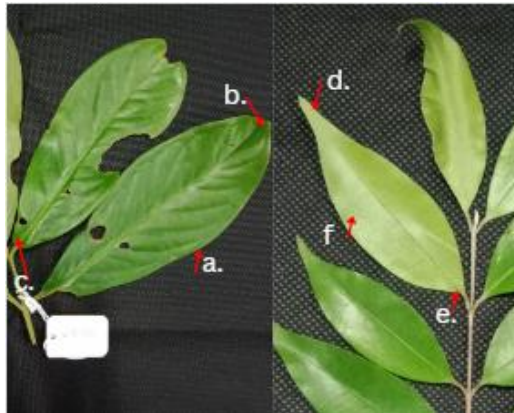
Syzygium asal Papua. Terlihat bahwa daun muda memiliki warna yang berbeda dengan daun dewasa. Pada *syzygium* sp. (V.B.153) daun muda pada bagian *adaxial* berwarna *brownish orange* 166 (C) dan pada bagian *abaxial* berwarna *moderate yellowish pink* N170 (D) (Gambar 4.17). Pada *Syzygium* sp. (V.C.122) daun muda pada bagian *adaxial* berwarna *moderate purplish pink* dan pada bagian *abaxial* berwarna *pale purplish pink* 62 (D) (Gambar 4.17).



Gambar 4.17 Daun Muda Dua Jenis *Syzygium* asal Papua. a. Warna daun muda *Syzygium* sp. (V.B.153), b. Warna daun muda *Syzygium* sp. (V.C.122). Panah merah menunjukkan bagian *abaxial* (bawah) dan *adaxial* (bawah) daun (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

Bagian *adaxial* daun memiliki warna yang lebih gelap dibandingkan dengan bagian *abaxial* daun. Hal ini sesuai dengan pernyataan Ismail *et al.* (2019) yang

menyebutkan bahwa secara umum, genus *Syzygium* memiliki warna daun lebih gelap pada bagian *adaxial* dan berwarna lebih pucat pada bagian *abaxial*. Bentuk daun dari dua jenis *Syzygium* asal Papua yang diamati memiliki bentuk *elliptic* dan *lanceolate*. *Syzygium* umumnya memiliki bentuk daun *oblong-elliptic* hingga *lanceolate* (Mukaromah, 2020; Rahma *et al.*, 2023). Ujung daun dan pangkal daun pada *Syzygium* yang diamati memiliki variasi sifat karakter (Gambar 4.18).



Gambar 4.18 Variasi Bentuk Daun Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua. Panah merah menunjukkan: a. Bentuk daun *elliptic*, b. Ujung daun *acute*, c. & e. Pangkal daun *cuneate* d. ujung daun *acuminate* f. bentuk daun *lanceolate*. Daun disebelah kiri berukuran 12,7 cm dan daun disebelah kanan berukuran 5,44 cm (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

Syzygium yang diamati memiliki venasi *brochidromous* (Gambar 4.19) dan memiliki

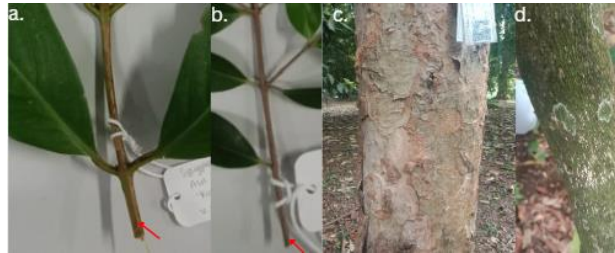
intramaginal vein (Gambar 4.19). Mudiana (2016) menyebutkan bahwa genus *Syzygium* umumnya memiliki *intramaginal vein* dan *secondary vein*. Venasi *brochidodromous* dimiliki oleh sebagian besar famili Myrtaceae (Sunarti, 2020).



Gambar 4.19 Pertulangan Daun *Syzygium*. Panah merah menunjukkan: a. Venasi *brochidodromous*, b. *Intramaginal vein*, c. *Secondary vein* (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024).

Ranting pada *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki bentuk *angular* (persegi) dan pada *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki bentuk ranting *terete* (membulat) (Gambar 4.20). Batang *Syzygium* sp. (V.B.153) permukaannya bertekstur *peeling* (mengelupas) sedangkan *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki batang yang bertekstur *scaly* (bersisik) (Gambar 4.20). Genus *Syzygium* memiliki bentuk ranting yang beragam, mulai dari *terete* hingga *angular*. Begitupula dengan tekstur

permukaan batang dapat bertekstur *peeling*, *smooth* maupun *scaly* (Mudiana, 2016).



Gambar 4.20 Variasi Bentuk Ranting dan Permukaan Batang pada Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua. a. Bentuk ranting *angular*, b. Bentuk ranting *terete*, c. Permukaan batang *peeling*, d. Permukaan batang *scaly*. Panah merah menunjukkan bentuk ranting (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024).

2. Deskripsi Karakter Morfologi Herbarium Kering *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense

Deskripsi karakter morfologi dilakukan pada 30 jenis herbarium kering *Syzygium* asal Papua yang telah teridentifikasi jenisnya. Sebanyak 11 karakter diamati untuk karakterisasi morfologi. Karakter tersebut diantaranya yaitu bentuk, ujung, pangkal, tepi, venasi, perlekatan, tata letak, tipe dan tunas ujung daun. Selain itu, bentuk dan permukaan ranting juga diamati. Hasil karakterisasi morfologi pada 30 jenis herbarium kering *Syzygium* asal Papua yang telah teridentifikasi jenisnya dapat dilihat pada Tabel 4.10.

Tabel 4.10 Karakter Herbarium *Syzygium* Asal Papua

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i>											
		<i>Syzygium pallens</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium subalatum</i> (Ridley) Merr. & Perry	<i>Syzygium subcorymbosum</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium polyantha</i> (L.K. Schum)	<i>Syzygium rosaceum</i> Diels	<i>Syzygium versteegii</i> (Lauterb.) Merr.						
1.	Bentuk daun	<i>Lanceolate</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>	<i>Lanceolate</i>	<i>Elliptic</i>						
2.	Ujung daun	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acute</i>						
3.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Cuneate</i>						
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>						
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>						
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>						
7.	Tata letak daun	<i>Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>						
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>						
10.	Bentuk ranting	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Angular</i>						
11.	Permukaan ranting	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Peeling</i>						

Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium *Syzygium* Asal Papua

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i>						cf.	<i>Syzygium naiaadum</i> (Diels) Merr. & Perry
		<i>Syzygium nutans</i> (K. Schum.) Merr. & Perry	<i>Syzygium buettnerianum</i> (K. Schum.) Niedenzu	<i>Syzygium roemerii</i> (Lauterb.) Merr. & Perry	<i>Syzygium pycnanthum</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium nemorale</i> Merr. & Perry			
1.	Bentuk daun	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>			<i>Lanceolate</i>
2.	Ujung daun	<i>Attenuate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Acute</i>			<i>Acuminate</i>
3.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Obtuse</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Obtuse</i>			<i>Attenuate</i>
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>			<i>Entire</i>
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>			<i>Brochidodromous</i>
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>			<i>Petiolate/ stalked</i>
7.	Tata letak daun	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>			<i>Opposite and distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>			<i>Single</i>
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>			<i>Absent</i>
10.	Bentuk ranting	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>			<i>Terete</i>
11.	Permukaan ranting	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>			<i>Smooth</i>

Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium *Syzygium* Asal Papua

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i>					
		<i>Syzygium roseum</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium pseudoformosum</i> (King) Merr. & Perry	<i>Syzygium subcozymbosium</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium polyanthum</i> (Wight) Walp.	<i>Syzygium ponapense</i> Diels	<i>Syzygium polysticta</i> Diels
1.	Bentuk daun	<i>Elliptic</i>	<i>Ovate</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>	<i>Elliptic</i>
2.	Ujung daun	<i>Acuminate</i>	<i>Acute</i>	<i>Acute</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acute</i>
3.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Rounded</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>
7.	Tata letak daun	<i>Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>
10.	Bentuk ranting	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>
11.	Permukaan ranting	<i>Scaly</i>	<i>Scaly</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>

Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium *Syzygium* Asal Papua

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i>					
		<i>Syzygium pergamaceum</i> (Greves) Merr. & Perry	<i>Syzygium plumeum</i> (Ridley) Merr. & Perry	<i>Syzygium schumannianum</i> (Niedenzu) Diels	<i>Syzygium semarangense</i> (BI) Merr. & Perry	<i>Syzygium saliciforme</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium salicina</i> Diels
1.	Bentuk daun	<i>Elliptic</i>	<i>Ovate</i>	<i>Ovate</i>	<i>Ovate</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>
2.	Ujung daun	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Obtuse</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Attenuate</i>
3.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Rounded</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Attenuate</i>
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>
7.	Tata letak daun	<i>Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>	<i>and Opposite distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>
10.	Bentuk ranting	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>
11.	Permukaan ranting	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Peeling</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Scaly</i>

Tabel 4.10 Lanjutan Karakter Herbarium *Syzygium* Asal Papua

No.	Karakter	Jenis <i>Syzygium</i>					
		<i>Syzygium salicinum</i> (Ridley) Merr. & Perry	<i>Syzygium coalitum</i> (Greves) Hartley & Perry	<i>Syzygium claviflorum</i> (Roxb) A. M. Cowan & Cowan	<i>Syzygium platycarpa</i> Diels	<i>Syzygium phaeostictum</i> Merr. & Perry	<i>Syzygium pteropodium</i> (Lauterb & K. Schum)
1.	Bentuk daun	<i>Oblong</i>	<i>Oblong</i>	<i>Ovate</i>	<i>Elipctic</i>	<i>Elipctic</i>	<i>Elipctic</i>
2.	Ujung daun	<i>Attenuate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acute</i>
3.	Pangkal daun	<i>Attenuate</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Obtuse</i>	<i>Attenuate</i>	<i>Obtuse</i>	<i>Obtuse</i>
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>
7.	Tata letak daun	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>
10.	Bentuk ranting	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>
11.	Permukaan ranting	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Smooth</i>	<i>Scaly</i>	<i>Peeling</i>

Herbarium kering *Syzygium* asal Papua memiliki bentuk, ujung, dan pangkal daun yang beragam. Tepi daunnya rata (*entire*) dengan tata letak berhadapan dan perlekatan dengan tangkai (*petiole*). Memiliki venasi *brochidodromous*, tipe daun tunggal dan tidak memiliki stipula. Rantingnya sebagian besar memiliki bentuk bulat (*terete*) namun ada juga yang memiliki bentuk persegi (*angular*). Permukaan rantingnya halus (*smooth*) namun ada juga yang bersisik (*scaly*) dan mengelupas (*peeling*). Gambaran umum morfologi dari 30 jenis herbarium kering *Syzygium* asal Papua yang telah teridentifikasi jenisnya dapat dilihat pada Gambar 4.21.



Gambar 4.21 Herbarium *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense. a. *Syzygium pallens*, b. *Syzygium subalatum*, c. *Syzygium subcorymbosum*, d. *Syzygium polyantha*, e. *Syzygium rosaceum* f. *Syzygium versteegii*, g. *Syzygium nutans*, h. *Syzygium buettnerianum*, i. *Syzygium roemerii*, j. *Syzygium pycnanthum* (Sumber: Dokumentasi penelitian, 2024)



Gambar 4.21 Herbarium *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense. a. *Syzygium cf. nemorale*, b. *Syzygium naiadum*, c. *Syzygium roseum*, d. *Syzygium pseudoformosum*, e. *Syzygium subcozymbosium* f. *Syzygium polyanthum*, g. *Syzygium ponapense*, h. *Syzygium polysticta*, i. *Syzygium pergamaceum*, j. *Syzygium plumeum*
(Sumber: Dokumentasi penelitian, 2024)



Gambar 4.21 Herbarium *Syzygium* Asal Papua Koleksi Herbarium Bogoriense. a. *Syzygium schumannianum*, b. *Syzygium samarangense*, c. *Syzygium saliciforme*, d. *Syzygium salicina*, e. *Syzygium salicinum*, f. *Syzygium coalitum*, g. *Syzygium claviflorum*, h. *Syzygium platicarpa*, i. *Syzygium phaeostictum*, j. *Syzygium pteropodum* (Sumber: Dokumentasi penelitian, 2024)

Herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi memiliki morfologi yang bervariasi terutama pada karakter bentuk daun, pangkal daun, ujung daun, bentuk ranting dan permukaan ranting. Variasi pada bentuk daun diantaranya *lanceolate*, *ovate* dan *elliptical* (Gambar 4.22). Variasi pada ujung daun diantaranya yaitu *attenuate*, *acute*, *acuminate*, dan *obtuse* (Gambar 4.23). Variasi pada pangkal daun diantaranya yaitu *cuneate*, *attenuate*, *rounded* dan *obtuse* (Gambar 4.23). Variasi pada bentuk ranting diantaranya yaitu *terete* dan *angular* sedangkan variasi pada permukaan ranting yaitu *peeling*, *smooth*, dan *scaly* (Gambar 4.24).



Gambar 4.22 Variasi Morfologi Bentuk Daun Herbarium *Syzygium*. Panah merah menunjukkan bentuk daun: a. *Lanceolate*, b. *Elliptic*, c. *Ovate* d. *Oblong* (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)



Gambar 4.23 Variasi Morfologi Ujung dan Pangkal Daun Herbarium *Syzygium*. Panah merah menunjukkan ujung dan pangkal daun: a. *Acuminate*, b. *Acute*, c. *Attenuate*, d. *Attenuate*, e. *Cuneate*, f. *Obtuse* (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)



Gambar 4.24 Variasi Morfologi Bentuk dan Permukaan Ranting Herbarium *Syzygium*. Panah merah menunjukkan: a. *Terete* dan *smooth*, b. *Angular* dan *peeling* (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

Berdasarkan hasil perbandingan karakter anatara dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor dengan herbarium kering *Syzygium* teridentifikasi koleksi Herbarium Bogoriense, belum ditemukan jenis *Syzygium* yang mirip dengan kedua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi Kebun Raya Bogor. Kemunculan anggota genus *Decaspermum* dan kedekatan *S. pachycladum* dengan sampel pada hasil analisis molekuler menjadi dasar dilakukannya karakterisasi morfologi pada enam jenis herbarium kering yang diperoleh dari *website Global Biodiversity Information Facility* (GBIF, 2024).

Herbarium kering tersebut diantaranya yaitu *S. pachycladum*, *D. humile*, *D. parviflorum*, *D. gracilentum*, *D. vitis-idea* dan *D. fruticosum*. Herbarium genus *Decaspermum* memiliki karakter morfologi daun berbentuk *lanceolate*, ujung daunnya *acuminate* dengan pangkal daun berbentuk *cuneate* hingga *obtuse*. Tepi daun *entire*, venasi *brochidodromous*, perlekatan daun *petiole* dan *stalked*. Rantingnya berbentuk *terete* dan permukaannya *scaly*. Hasil karakterisasi dan morfologi herbarium kering *S. pachycladum* dan *Decaspermum* disajikan pada Tabel 4.3 dan Gambar 4.25.

Tabel 4.11 Karakter Herbarium *Syzygium* dan *Decaspermum*

No.	Karakter	Spesies					
		<i>Syzygium pachycladum</i> (Lauterb & K. Schum)	<i>Decaspermum humile</i> (G.Don) A.J.Scott	<i>Decaspermum parviflorum</i> (Lam.) A.J.Scott	<i>Decaspermum gracilentum</i> (Hance) Merr. & L.M.Perry	<i>Decaspermum vitis-idaea</i> Stapf	<i>Decaspermum fruticosum</i> J.R.Forst. & G.Forst.
1.	Bentuk daun	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>	<i>Elliptic</i>	<i>Lanceolate</i>
2.	Ujung daun	<i>Acute</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>	<i>Acuminate</i>
3.	Pangkal daun	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>	<i>Cuneate</i>
4.	Tepi daun	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>	<i>Entire</i>
5.	Venasi	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>	<i>Brochidodromous</i>
6.	Perlekatan daun	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>	<i>Petiolate/ stalked</i>
7.	Tata letak daun	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>	<i>Opposite and distichous</i>
8.	Tipe daun	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>	<i>Single</i>
9.	Tunas pada ujung daun	<i>Present</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>	<i>Absent</i>
10.	Bentuk ranting	<i>Angular</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>	<i>Terete</i>
11.	Permukaan ranting	<i>Peeling</i>	<i>Scaly</i>	<i>Scaly</i>	<i>Scaly</i>	<i>Scaly</i>	<i>Scaly</i>



Gambar 4.25 Herbarium *Syzygium* dan *Decaspermum*. a. *Syzygium pachycladum*, b. *Decaspermum humile*, c. *Decaspermum parviflorum*, d. *Decaspermum gracilentum*, e. *Decaspermum vitis-idea*, f. *Decaspermum fruticosum* (Sumber: GBIF, 2024)

Berdasarkan hasil perbandingan karakter antara spesimen segar dan spesimen herbarium kering, *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki banyak persamaan karakter morfologi dengan *S. pachycladum*. Persamaan karakter morfologi tersebut diantaranya bentuk daun *elliptic* ujung daun *acute*, pangkal daun *cuneate*, venasi *brochidodromous*, perlekatan *petiole*, tata letak

opposite dan *distichous*, bentuk rantingnya *angular* dan permukaan rantingnya *peeling*. Terlebih lagi, *S. pachycladum* memiliki karakter tunas pada ujung daun seperti pada *Syzygium* sp. (V.B.153). Karakter tersebut dapat dilihat pada Gambar 4.26.



Gambar 4.26 Perbandingan Karakter Morfologi *Syzygium* sp. (V.B.153) dengan Herbarium Kering *S. pachycladum*. Panah merah menunjukkan adanya tunas ujung daun pada: a. Herbarium Kering *S. pachycladum* dan b. *Syzygium* sp. (V.B.153) (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024; GBIF, 2024)

Syzygium sp. (V.C.122) memiliki banyak kemiripan karakter morfologi dengan genus *Decaspermum* terutama dengan spesies *D. humile* dan *D. gracilentum*. Karakter tersebut diantaranya bentuk daun *lanceolate*, ujung daun *acuminate*, pangkal daun *cuneate*, tepi daun *entire*, venasi *brochidodromous*, perlekatan *petiole*, tata letak *opposite* dan *distichous*, bentuk rantingnya *terete* dan permukaan ranting *scaly*. Gambar morfologinya dapat dilihat pada Gambar 4.27.

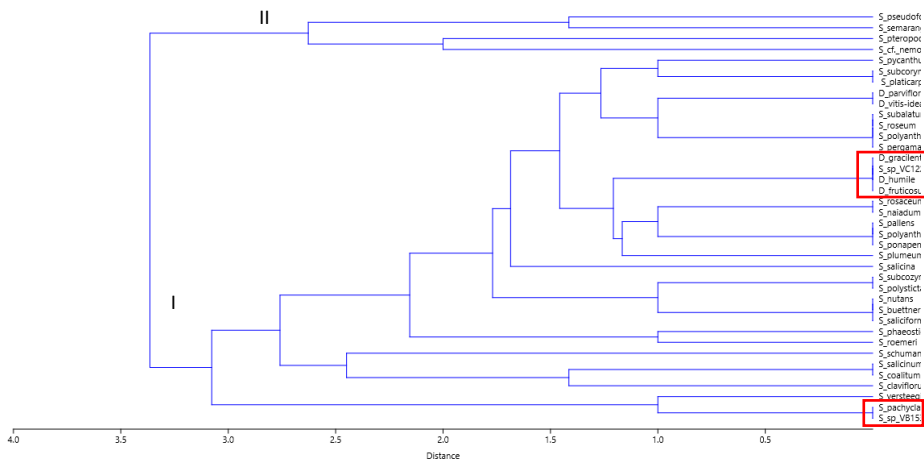


Gambar 4.27 Perbandingan Karakter Morfologi *Syzygium* sp. (V.C.122) dengan Herbarium Kering *Decaspermum*. a. *Syzygium* sp. (V.C.122), b. *D. humile*, c. *D. parviflorum*, d. *D. gracilentum* (Sumber: Dokumentasi Penelitian, 2024)

3. Hubungan Kekerabatan Fenetik

Hasil kontruksi fenogram menunjukkan bahwa dari 38 spesies terbagi menjadi dua kelompok besar. Kelompok I terdiri dari *S. pycanthum*, *S. subcorymbosum*, *S. platicarpa*, *D. parviflorum*, *D. vitis-idea*, *S. subalatum*, *S. roseum*, *S. polyanthum*, *S. pergamaceum*, *D. gracilentum*, *Syzygium* sp. (V.C.122), *D. humile*, *D. fruticosum*, *S. rosaceum*, *S. naiadum*, *S. pallens*, *S. polyantha*, *S. ponapense*, *S. plumeum*, *S. salicina*, *S. subcozymbosium*, *S. polysticta*, *S. nutans*, *S.*

buettnerianum, *S. saliciforme*, *S. phaeostictum*, *S. roemerii*, *S. schumannianum*, *S. salicinum*, *S. coalitum*, *S. claviflorum*, *S. versteegii*, *S. pachycladum* dan *Syzygium* sp. (V.B.153). Kelompok II terdiri dari *S. pseudomorfosum*, *S. samarangense*, *S. pteropodum*, dan *S. cf. nemorale*.



Gambar 4.28 Fenogram Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua dan 36 Herbarium Kering *Syzygium* dan *Decaspermum*

Fenogram menempatkan *Syzygium* sp. (V.B.153) pada kelompok I dan membentuk kelompok dengan *S. pachycladum*. *Syzygium* sp. (V.C.122) juga berada di kelompok I dan membentuk kelompok dengan *D. humile*, *D. gracilentum* dan *D. fruticosum*. Berdasarkan

hasil fenogram, *Syzygium* sp. (V.B.153) memiliki banyak kemiripan morfologi dengan *S. pachycladum* sedangkan *Syzygium* sp. (V.C.122) memiliki banyak kemiripan morfologi dengan genus *Decaspermum*.

Melalui analisis fenetik menggunakan *software* PAST, hubungan kekerabatan fenetik dari 38 spesies berhasil dipetakan. Analisis kluster (fenogram) dapat diterapkan untuk mengukur tingkat kekerabatan di antara berbagai spesies yang diteliti (Prasgi & Kasmiyati, 2022)

4. Analisis PCA

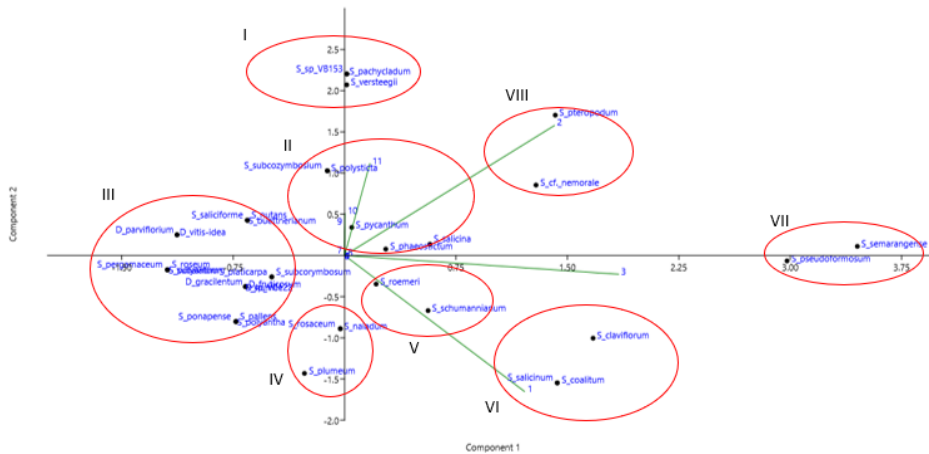
Analisis PCA terhadap 11 karakter morfologi kualitatif memisahkan 38 spesies menjadi 8 kluster. Kluster I terdiri dari *Syzygium* sp. (V.B.153), *S. pachycladum* dan *S. verstegii*. Ketiga spesies ini memiliki persamaan morfologi pada bentuk daun *elliptic*, ujung daun *acute*, pangkal daun *cuneate*, bentuk ranting *angular* dan permukaan ranting *peeling*. Namun, pada *Syzygium* sp. V.B.153 dan *S. pachycladum* terdapat tunas pada ujung daunnya dimana karakter tersebut tidak ditemukan pada *S. verstegii*. Kluster II terdiri dari *S. salicina*, *S. polysticta*, *S. pycanthum*, *S. phaeostictum* dan *S. roemerii*. Lima

spesies ini memiliki persamaan morfologi pada bentuk daun *elliptic*.

Klaster III terdiri dari *S. nutans*, *S. buettnerianum*, *S. saliciforme*, *D. vitis-idea*, *D. parviflorum*, *S. polyanthum*, *S. pergamaceum*, *S. roseum*, *D. gracilentum*, *D. fruticosum*, *Syzygium* sp. (V.C.153), *D. humile*, *S. rosaceum*, *S. pallens*, *S. polyantha*, *S. platicarpa*, *S. subcorymbosum*, *S. subalatum* dan *S. ponapense*. Spesies dalam klaster ini memiliki persamaan karakter morfologi pada bentuk ranting *terete*. Klaster IV terdiri dari *S. naiadum* dan *S. plumeum* memiliki kemiripan morfologi pada bentuk ranting *terete* dan permukaan ranting *smooth*.

Klaster V terdiri dari *S. salicinum* dan *S. schumannianum* memiliki kemiripan morfologi pada pangkal daun *attenuate*, bentuk ranting *terete* dan permukaan ranting *smooth*. Klaster VI terdiri dari *S. claviflorum*, *S. coalitum*, dan *S. subcozymbosum* memiliki kemiripan morfologi pada bentuk ranting *terete* dan permukaan ranting *smooth*. Klaster VII terdiri dari *S. pseudoformosum* dan *S. samarangense* memiliki kemiripan morfologi pada bentuk daun *ovate*, pangkal daun *rounded* dan bentuk ranting *terete*. Klaster VIII terdiri dari *S. pteropodum* dan *S. cf.*

nemorale memiliki kemiripan morfologi pada bentuk daun *elliptic*, ujung daun *acute*, dan pangkal daun *obtuse*.



Gambar 4.29 *Scatter Plot* Karakter Morfologi Hasil PCA Dua Jenis *Syzygium* Asal Papua dan 36 Herbarium Kering *Syzygium* dan *Decaspermum*

Scatter plot menunjukkan adanya pemisahan kelompok yang jelas pada data, mengindikasikan adanya interaksi kompleks antar karakter morfologi yang membentuk pola yang berbeda. Karakter 1 (bentuk daun), 2 (ujung daun), 3 (pangkal daun), dan 11 (permukaan ranting) merupakan karakter yang paling memiliki banyak variasi.

PCA dapat mengidentifikasi karakter yang memiliki kontribusi terbesar dalam memisahkan kelompok tanaman yang berbeda (Rosmaina *et al.*,

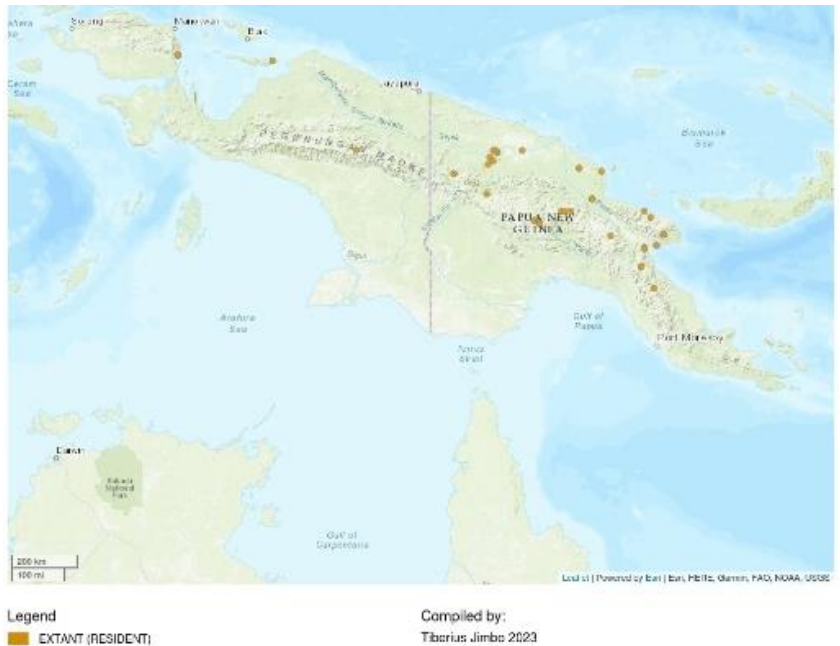
2021; Mahulette *et al.*, 2022). Karakter penciri merujuk pada variabel yang memiliki pengaruh signifikan terhadap pembentukan kelompok atau pola dalam data, terlepas dari keberadaan variabel-variabel lainnya (Sharma *et al.*, 2018; Mahulette *et al.*, 2022).

D. Kontribusi Kejelasan Identitas Spesies Dalam Upaya Konservasi Spesies Melalui Proses Identifikasi.

Hasil identifikasi secara molekuler dan morfologi menunjukkan bahwa *Syzygium* sp. (V.B.153) mengarah pada subgenus *Syzygium* dan dekat dengan spesies *S. pachycladum*. Berdasarkan penilaian terbaru IUCN, *S. pachycladum* dikategorikan sebagai *Least Concern* (LC) yaitu spesies yang risiko kepunahannya rendah (IUCN, 2024).

S. pachycladum merupakan spesies endemik Papua, yang artinya spesies ini hanya dapat ditemukan secara alami di wilayah tersebut. Persebaran spesies ini mencakup wilayah Papua Barat dan Papua di Indonesia, serta Papua Nugini dengan total luas area 273,338 km². Meskipun spesies ini termasuk ke dalam kategori risiko kepunahan rendah karena distribusi geografisnya yang luas, perlu penelitian lebih lanjut untuk menilai ukuran

populasi dan dampak nyata dari ancaman yang ada di hutan Papua Nugini (Jimbo, 2024).



Gambar 4.30 Peta Persebaran *S. pachycladum* di Papua (Sumber: Jimbo, 2024)

Identifikasi molekuler dan morfologi menunjukkan bahwa *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk anggota genus *Decaspermum* dan berkerabat dengan *D. humile*, *D. parviflorum*, *D. gracilentum*, *D. vitis-idea*, dan *D. fruticosum*. Berdasarkan penilaian terbaru IUCN, *D. humile*, *D. gracilentum*, *D. vitis-idea*, dan *D. fruticosum* termasuk kategori *Least Concern* (LC) yaitu spesies yang risiko kepunahannya rendah. *D. parviflorum* termasuk kategori

Data Deficient (DD) yaitu kurangnya data terkait spesies ini untuk penilaian status konservasi (IUCN, 2024).

Distribusi geografis genus *Decaspermum* mencakup wilayah yang luas, meliputi benua Australia dan kepulauan Pasifik (POWO, 2024). *Decaspermum* juga ditemukan di wilayah Indonesia Timur seperti Papua. Dominasi tumbuhan dari famili *Araucariaceae* dan *Myrtaceae* di wilayah ini mendukung hipotesis tentang hubungan biogeografis antara dataran Sahul dan Australia, terutama pada masa ketika permukaan air laut jauh lebih rendah (Kusmana & Hikmat, 2015).

Upaya konservasi genus *Syzygium* dan *Decaspermum* memerlukan strategi yang disesuaikan dengan karakteristik spesies dan ekosistemnya. Pendekatan inventarisasi dan pembaruan data dapat dilakukan untuk memperoleh informasi terkini terkait keanekaragaman dan sebaran spesies. Selain itu, data mengenai habitat, distribusi dan populasi, serta potensi pemanfaatan suatu spesies tumbuhan dapat mendukung upaya konservasi (Mudiana, 2017). Kegiatan eksplorasi, edukasi, dan pendokumentasian dapat membantu dalam memahami distribusi, populasi, dan status konservasinya (Sutomo, 2014).

BAB V

KESIMPULAN

A. Kesimpulan

1. Panjang sekuen DNA pada region *matK* untuk *Syzygium* sp. (V.B.153) adalah 853 pb dan *Syzygium* sp. (V.C.122) adalah 877 pb. Panjang sekuen pada region *ITS* untuk *Syzygium* sp. (V.B.153) adalah 838 pb dan *Syzygium* sp. (V.C.122) adalah 823 pb. Komposisi nukleotida pada sekuen *matK* *Syzygium* sp. (V.B.153) terdiri dari timin 36,5%, sitosin 18,4%, adenin 30,0%, dan guanin 15,1% dan *Syzygium* sp. (V.C.122) terdiri dari timin 36,6%, sitosin 18,3%, adenin 30,1%, dan guanin 15,0%. Komposisi nukleotida pada *Syzygium* sp. (V.B.153) terdiri dari timin 20,9%, sitosin 27,4%, adenin 23,7%, dan guanin 28,1% dan *Syzygium* sp. (V.C.122) terdiri dari timin 20,7%, sitosin 27,6%, adenin 23,7%, dan guanin 28,0%.
2. Pohon filogenetik region *matK* menunjukkan *Syzygium* sp. (V.B.153) termasuk genus *Syzygium* dan berkerabat dekat dengan *S. pachycladum* dengan nilai *bootstrap* 91. Pohon filogenetik region *ITS* menempatkan *Syzygium* sp. (V.B.153) dalam subgenus *Syzygium*. Pohon

filogenetik *region matK* dan *ITS* menunjukkan *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk genus *Decaspermum*.

3. Dua jenis *Syzygium* asal Papua koleksi KRB dikarakterisasi menggunakan 25 karakter morfologi. *Syzygium* sp. (V.B.153) berhabitus pohon, daun berwarna *greyish olive green* NN137 (B) pada bagian *adaxial* dan pada *abaxial* berwarna *moderate yellow green* 146 (B). Daun berbentuk *elliptic*, ujung daun *acute* dan pangkal daun *cuneate* serta tepi daun *entire*. *Secondary vein* sebanyak 12 pasang yang *slightly prominent*. *Intramaginal vein* 0,6 cm dari tepi daun, venasi *brochidodromous* dan memiliki tunas pada ujung daun. *Syzygium* sp. (V.C.122) berhabitus semak, daun berwarna *moderate yellow green* 138 (C) pada bagian *adaxial* dan pada *abaxial* berwarna *strong yellow green* 143 (C). Daun berbentuk *lanceolate*, ujung daun *acuminate*, pangkal daun *cuneate* dan tepi daun *entire*. *Secondary vein* sebanyak 17 pasang yang *slightly prominent*. *Intramaginal vein* 3,67 cm dari tepi daun dan venasinya *brochidodromous*. Dendogram fenetik menunjukkan bahwa *Syzygium* (V.B.153) berkelompok dengan *S. pachycladum* dan *S. verstegii* sedangkan *Syzygium* (V.C.122) berkelompok dengan *D. humile*, *D. gracilentum* dan *D. fruticosum*.

4. Identifikasi molekuler dan morfologi menunjukkan bahwa *Syzygium* sp. (V.B.153) termasuk subgenus *Syzygium* dan dekat dengan *S. pachycladum*. *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk genus *Decaspermum*. Berdasarkan data pada IUCN, *S. pachycladum* dan beberapa anggota *Decaspermum* termasuk dalam flora dengan tingkat risiko kepunahan yang rendah.

B. Saran

Saran untuk penelitian selanjutnya dapat menambah karakter organ generatif dan melakukan analisis molekuler menggunakan *region* genetik yang berbeda agar dapat mengidentifikasi hingga tingkat jenis. Identifikasi molekuler dan morfologi menempatkan *Syzygium* sp. (V.B.153) ke subgenus *Syzygium* dan dekat dengan *S. pachycladum* serta *Syzygium* sp. (V.C.122) termasuk genus *Decaspermum*. Dengan diketahuinya kedua spesies tersebut dapat dilakukan pelacakan status konservasi di IUCN dan diketahui cara konservasi yang baik untuk kedua spesies tersebut serta dapat dilakukan penelitian terkait pemanfaatannya dan kandungan metabolit pada kedua spesies tersebut.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdulrahman, M. D., Ali, A. M., Khandaker, M. M., Fatihah, H. N. N., & Mat, N. (2019). Discrimination of *Syzygium polyanthum* (Wight) Walp. Cultivars Based on ATR-FTIR Spectroscopy. *Bioscience Res*, 15, 35–46.
- Ahmad, B., Baider, C., Bernardini, B., Biffin, E., Brambach, F., Burslem, D., Byng, J. W., Christenhusz, M., Florens, F. V., Lucas, E., & Ray, A. (2016). *Syzygium* (Myrtaceae): Monographing a Taxonomic Giant via 22 Coordinated Regional Revisions. *PeerJ Preprints*. <https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.1930v1>
- Amandita, F. Y., Rembold, K., Vornam, B., Rahayu, S., Siregar, I. Z., Kreft, H., & Finkeldey, R. 2019. DNA *Barcoding* of Flowering Plants in Sumatra, Indonesia. *Ecology and Evolution*, 9(4):1858-1868.
- Ashton, P. S. (2018). *Flora Malesiana: Syzygium (Myrtaceae)*. Rijksherbarium.
- Assal, N., & Lin, M. (2020). PCR Procedures to Amplify GC-Rich DNA Sequences of *Mycobacterium bovis*. *bioRxiv*, 1-21.
- Astuti, W., & Adiwijaya, K. (2019). Principal Component Analysis Sebagai Ekstraksi Fitur Data Microarray untuk Deteksi Kanker Berbasis Linear Discriminant Analysis. *J. Media Inform. Budidarma*, 3(2): 72–77.
- Austen, G. E., Bindemann, M., Griffiths, R. A., & Roberts, D. L. (2016). Species Identification by Experts and Non-Experts: Comparing Images from Field Guides. *Sci Rep* 6, 33634. <https://doi.org/10.1038/srep33634>
- Batiha, G.-E.-S., Alkazmi, L. M., Wasef, L. G., Beshbishy, A. M., Nadwa, E. H., & Rashwan, E. K. (2020). *Syzygium aromaticum* L. (Myrtaceae): Traditional Uses, Bioactive Chemical Constituents, Pharmacological and Toxicological Activities. *Biomolecules*, 10(2), 1–16. <https://doi.org/10.3390/biom10020202>

- Barta, C. E., Bolander, B., Bilby, S. R., Brown, J. H., Brown, R. N., Duryee, A. M., Edelman, D. R., Gray, C. E., Gossett, C., Haddock, A. G., Helsel, M. M., Jones, A. D., Klingseis, M. E., Leslie, K., Miles, E. W., & Prawitz, R. A. (2017). In Situ Dark Adaptation Enhances the Efficiency of DNA Extraction from Mature Pin Oak (*Quercus palustris*) Leaves, Facilitating the Identification of Partial Sequences of the 18S rRNA and Isoprene Synthase (IspS) Genes. *Plants (Basel, Switzerland)*, 6(4), 52. <https://doi.org/10.3390/plants6040052>
- Brown, A., & Watson, P. (2021). DNA *Barcoding* in Plant Conservation: Advantages, Limitations, and Future Directions. *Conservation Genetics Journal*, 14(2), 89-105.
- Canhos, D. A. L., Sousa-Baena, M. S., de Souza, S., Maia, L. C., Stehmann, J. R., Canhos, V. P., de Giovanni, R., Bonacelli, M. B. M., Los, W., & Townsend Peterson, A. (2015). The importance of biodiversity e-infrastructures for megadiverse countries. *PLoS Biology*, 13(7), 1-7. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002204>
- Chen, L., Wang, Z., & Liu, Y. (2023). Application of ITS Markers in Plant Species Identification and Phylogenetic Analysis. *Journal of Plant Molecular Systematics*, 15(1), 78-91
- Chen, S., Zhang, G., Zeng, C., Zou, M., & Peng, Z. (2020). Combining *matK* and *ITS* for Accurate Species Identification in Plants. *Journal of Molecular Evolution*, 88(2), 105-114. <https://doi.org/10.1007/s00239-019-09911-6>
- Dong, W., Xu, C., Li, C., Sun, J., Zuo, Y., Shi, S., Cheng, T., Guo, J., Zhou, S. (2015). *ycf1*, the Most Promising Plastid DNA *Barcode* of Land Plants. *Scientific Reports*, 5, 8348. <https://doi.org/10.1038/srep08348>
- Eberhardt, U. (2019). Universal Primers for *ITS* Sequences in Plant Identification: Progress and prospects. *Molecular*

- Ecology Resources*, 19(4), 833-846.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13000>
- Fay, M. F., & Chase, M. W. (2020). Molecular Approaches to Plant Conservation. *Kew Bulletin*, 75(1), 35-48.
- Ferita, I., Tawarati., Zulfadly, S. 2015. Identifikasi Dan Karakterisasi Tanaman Enau (*Arenga Pinnata*) Di Kabupaten Gayo Lues. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 1(1): 31-37.
- Hariri, M. R., Peniwidiyanti, Irsyam, A. S. D., Irwanto, R. R., Martiansyah, I., Kusnadi, & Yuhaeni, E. (2021). Molecular Identification and Morphological Characterization of *Ficus* sp. (Moraceae) in Bogor Botanic Gardens. *Jurnal Biodjati*, 6(1): 36-44.
<https://doi.org/10.15575/biodjati.v6i1.10852>
- Hebert, P.D., Cywinska, A., Ball, S.L., & DeWaard, J.R. (2003). Biological Identifications Through DNA Barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Ser. B Biol. Sci*, 270, 313–321.
- Hidayat, S., Wahyuni, S., & Wijaya, A. (2018). *Kolaborasi Internasional dalam Penelitian dan Konservasi di Kebun Raya Bogor*. Prosiding Simposium Kebun Raya, 7, 89-98.
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2016). Choosing and Using a Plant DNA Barcode. *PLoS ONE*, 11(5).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157091>
- Ismail, A., Amir, W., Wan, N., Ismail, A., & Amir, W. (2019). *Syzygium Polyanthum* (Wight) Walp: a Potential Phytomedicine Common Names and Plant. *Pharmacognosy Journal*, 11(2), 429–438.
- IUCN. The IUCN Red List of Threatened Species, Version 2024-1. (2024). Available online: <https://www.iucnredlist.org> (Accessed on 25 October 2024).
- Jiang, K.W., Zhang, R., Zhang, Z.F., Pan, B., & Tian, B. (2020). DNA Barcoding and Molecular Phylogeny

- of *Dumasia* (Fabaceae: Phaseoleae) Reveals a Cryptic Lineage. *Plant Divers*, 42, 376–385.
- Jimbo, T. (2024). *Syzygium pachycladum*. The IUCN Red List of Threatened Species 2024: e.T142668957A170236395. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2024-1.RLTS.T142668957A170236395.en>
- Jourdan, J., Bundschuh, M., Copilaş-Ciocianu, D., Fišer, C., Grabowski, M., Hupało, K., Kokalj, A.J., Kabus, J., Römbke, J., & Soose, L.J. (2023). Cryptic Species in Ecotoxicology. *Environ. Toxicol. Chem*, 42, 1889–1914.
- Khandaker, M. M., Mat, N., Abdulrahman, M. D., Ali, M. A. (2018). Morphological and Anatomical Studies of *Syzygium polyanthum* (Wight) Walp. (Myrtaceae). *MNJ*, 70, 309–22.
- Kemensetneg RI. (2018). *Herbarium Bogoriense: Asia Tenggara's Oldest and Largest Herbarium Collection*. Kemensetneg.go.id. Retrieved from <https://www.kemensetneg.go.id>
- Kumajas, J., & Howan, D. H. O. (2018). Studi Kandungan Kimia Ekstrak Buah Pakoba Merah (*Syzygium* sp.). *Fullerene Journ. Of Chem*, 3(2).
- Kürzel, K., Kaiser, S., Lörz, A. N., Rossel, S., Paulus, E., Peters, J., Schwentner, M., Arbizu, P. M., Coleman, C. O., Svavarsson, J., & Brix, S. (2022). Correct Species Identification and Its Implications for Conservation Using Haploniscidae (Crustacea, Isopoda) in Icelandic Waters as a Proxy. *Front. Mar. Sci*, 8: 795196. <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.795196>
- Kusmana, C. (2016). *Konservasi Ex-Situ di Kebun Raya Bogor: Tantangan dan Peluang*. Jurnal Konservasi Tumbuhan Indonesia, 4(1), 12–24
- Kress, W.J., & Erickson, D. L. (2007). A Two-Locus Global DNA Barcode for Land Plants: The Coding *rbcL* gene Complements with the No-Coding *trnHpsbA* Spacer Region. *PloS One*, 2(6). <https://doi.org/10.1371/0000508>

- Kress, W. J., Wurdack, K. J., & Zimmer E. A. (2005). Use of DNA *Barcodes* to Identify Flowering plants. *PNAS*, 102(23), 8369-8374
- Li, X., Zhu, Y., & Huang, C. (2022). The Role of *matK* Gene in Plant DNA *Barcoding*: A Review of its Application and Challenges. *Botanical Journal of Genetics*, 47(3), 220-234
- Maloukh, L., Kumarappan, A., Jarrar, M., Salehi, J., El-wakil, H., & Lakshmi, T. V. R. (2017). Discriminatory Power of *rbcL Barcode* Locus for Authentication of Some of United Arab Emirates (UAE) Native Plants. *Biotech*, 7(144), 1-7
- 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*, 187-195. <http://journal.uinalauddin.ac.id/index.php/psb>
- Mishra, P., & Singh, A. (2020). Building a Global DNA *Barcode* Reference Library for Plants: Achievements and Challenges". *Global Biodiversity Database*, 33, 103-119.
- Mokoagow, B. L., Fatimah, F., & Kumaunang, M. (2015). Penentuan *Barcode* DNA Berdasarkan Gen *matK* dan Analisis In-silico *matK* Rumput Macan (*Lantana camara* L.). *Jurnal MIPA UNSRAT Online*, 4(1), 24-28.
- Mudiana, D. (2009). *Syzygium* (Myrtaceae) di Sepanjang Sungai Welang Taman Wisata Alam Gunung Baung Purwodadi. *Biosfera*, 26(2).
- Mudiana, D. (2016). *Syzygium* Diversity in Gunung Baung, East Java, Indonesia. *BIODIVERSITAS*, 17(2), 733-740.
- Mudiana, D. (2017). Karakteristik Habitat *Syzygium pycnanthum* (Merr.) L.M. Perry di Gunung Baung, Jawa Timur. *Jurnal Penelitian Hutan dan Konservasi Alam*. 14. 67-89. <http://10.20886/jphka.2017.14.2.67-89>
- Mukaromah, A. S. (2020). Wax Apple (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry): A Comprehensive Review

- in Phytochemical and Physiological Perspectives. *Al-Hayat: Journal of Biology and Applied Biology*, 3(1): 40-58. <https://10.21580/ah.v3i1.6070>
- Mukhopadhyay, C.S., Choudhary, R. K. Iquebal, M. A. (2018). *Basic Applied Bioinformatics*. Jhon Wiley & Sons, Inc. USA
- Mulyaningsih, R., Puspitaningtyas, D., & Harini, R. (2020). *Penemuan Spesies Baru di Kebun Raya Bogor*. Buletin Kebun Raya, 5(1), 22-30.
- Mustain. (2009). *Biodiversity of Plants on Land Concession Area Ultramafic at PT. INCO Tbk. Prior Mining South Sulawesi Province*. Faculty of Forestry, Institut Pertanian Bogor. Bogor
- Nabu, N. M., Binsasi, R., & Blegur, W. A. (2024). Eksplorasi dan Pemanfaatan Vegetasi Sebagai Upaya untuk Mendukung Konservasi Air pada Mata Air Oel'Kunion Desa Tun'Noe, Kabupaten Timor Tengah Utara. *Jurnal Biologi Indonesia*, 20(1): 39-49, 39-50.
- Newell, P. D., Fricker, A. D., Roco, C. A., Chandransu, P., & Merkel, S. M. (2013). A Small-Group Activity Introducing the Use and Interpretation of BLAST. *Journal of microbiology & biology education*, 14(2), 238-243. <https://doi.org/10.1128/jmbe.v14i2.637>
- Nurfadilah, S., Widodo, C., Murdiono, A., Supriyadi, S., & Santosa, D. (2017). DNA Barcoding of *Syzygium* in Indonesian Botanic Gardens. *Biodiversity and Conservation*, 26(4), 923-935
- Parnell, J. A. N., Craven, L. A., & Biffin, E. (2007). *Matters of scale: Dealing with one of the largest genera of Angiosperms*. In: Hodkinson TR, Parnell JAN. (eds.) *Reconstructing the Tree of Life, Taxonomy and Syzstematics of Species Rich Taxa*. CRC Press. Boca Raton
- Partomihardo, T., & Ismail. (2008). Diversity Flora in the Nature Reserve of Nusa Barung, Jember, East Java. *Berita Biologi*, 9(1): 67-80

- Partomihardjo, T., Hermawan, E., & Pradana, E. W. 2020. *Tumbuhan Hutan Rawa Gambut Merang Kepayang*. Zoological Society of London (ZSL) Indonesia Programme.
- Pham, N. T. T., Le, D. P., Pham, K. T. N., Thipphavong, X & Chu, M. H. (2021). DNA Barcode of *matK* Combined with *ITS* Effectively Distinguishes the Medical Plant *Stephania brachyandra* Diels Collected in Laocai, Vietnam. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, 9(06), 63-70. <https://doi.org/10.7324/JABB.2021.9608>
- Pollock, A., & Berge, E. (2018). *How to Do a Systematic Review*. International Journal of Stroke, 13(2), 138-156.
- Prasetyo, Y., Sulistyono, A., & Widyatmoko, A. (2017). *Keanekaragaman Hayati di Kebun Raya Bogor: Sebuah Kajian*. Jurnal Botani Indonesia, 3(2), 45-60.
- Rahayu, D. A., & Jannah, M. (2019). DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia. Yayasan Inspirasi Ide Berdaya. Jakarta.
- Roberts, T., & Green, D. (2022). Microsatellites and Their Role in Population Genetics of Endangered Plant Species. *Journal of Plant Population Studies*, 18(3), 230.
- Rosannah, A. F., Pasaribu, N., & Hannum, S. (2015). Distribusi *Syzygium cumini* (L) Skeels di Aceh Besar. *Biosfera*, 32(3), 143-146.
- Saleky, D., Leatemia, S.P.O., Pattiasina, T.F., Isma, Pangaribuan, R.D., Welliken, M.A., Melmambessy, E.H.P, dan Dailami, M. (2020). Analisis Pola Pertumbuhan dan Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Turbostenogyrus* P. Fischer, 1873 (Mollusca: Gastropoda). *Biotropika: Journal of Tropical Biology*, 8(2), 79-86.
- Savolainen, V., Cowan, R. S., Vogler, A. P. Roderick, G. K., & Lane, R. (2005). Towards Writing the Encyclopedia of Life: an Introduction to DNA Barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 1850– 1811.
- Soh, W., Nair, K. J. (2017). *Taxonomy of Syzygium: Syzygium cumini and Other Underutilized Species*, 1–5.

- Struck, T.H., Feder, J.L., Bendiksby, M., Birkeland, S., Cerca, J., Gusarov, V.I., Kistenich, S., Larsson, K.-H., Liow, L.H., & Nowak, M.D. (2018). Finding evolutionary processes hidden in cryptic species. *Trends Ecol. Evol*, 33, 153–163.
- Suriana, S., Marwansyah, M., & Amirullah, A. (2019). Karakteristik Segmen Gen sitokrom C Oksidase Subunit I (COI) Ngengat *Plusia chalcites* (Lepidoptera: Noctuidae). *BioWallacea J. Penelit. Biol. (Journal Biol. Res*, 6, 985. <https://doi.org/10.33772/biowallacea.v6i2.8824>
- Susilo, D. (2015). The Role of Herbarium in Plant Identification and Classification. *Biodiversity Journal*, 18(2), 142-155. <https://doi.org/10.1007/s10531-014-0824-9>
- Sutherland, W. J., Roy, D. B. & Amano, T. An Agenda for the Future of Biological Recording for Ecological Monitoring and Citizen Science. *Biol. J. Linn. Soc*, 115, 779–784.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11, *Molecular Biology and Evolution*, Volume 38, Issue 7, 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Tallei, T. E., Irawan P. D., & Kolondam B. J. (2016). DNA Barcoding Analysis of *matK* Gene of Some *Syzygium* Species. Bioinformatics Workshop 2016: Developing knowledge and skill in bioinformatics for Young Indonesian Scientists in improving research quality in life science and sustainable exploration of biodiversity in Indonesia. Al Azhar University Jakarta, 13 – 15 September 2016.
- Tindi, M., Mamangkey, N. G. F., & Wullur, S. (2017). DNA Barcode dan Analisis Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis *Bivalvia* Asal Perairan Sulawesi Utara Berdasarkan Gen CO1. *J Pesisir dan Laut Tropis*, 5(2), 32–38

- Valentini, A., Pompanon, F., & Taberlet, P. (2008). DNA *Barcoding* for Ecologists. *Trends in Ecology and Evolution*, 24(2), 110-117.
- Virgilio, M., Backeljau, T., Nevado, B., & De Meyer, M. (2012). DNA *Barcoding* for Species Identification: An Update on the Quest for Consensus Markers and Reliable Methodologies. *Molecular Ecology Resources*, 12(3), 620-633. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03120.x>
- Wagner, M. D. A., Bogoni, J. A., & Fiaschi, P. (2022). Myrtaceae Richness and Distribution Across the Atlantic Forest Domain are Constrained by Geoclimatic Variables. *Plant Ecology*, 223: 1079–1092. <https://doi.org/10.1007/s11258-022-01258-1>
- Waugh, J. (2007). DNA *Barcoding* in Animal Species Identification. *Nature Methods*, 5(2), 15–18. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.202>
- Widodo, C., Nurfadilah, S., Hidayat, M., Mardjuki, H., & Syah, Y. M. (2016). Chemical Constituents and Pharmacological Potential of *Syzygium* Species: A Review. *Pharmacognosy Reviews*, 10(19), 105-118
- Yang, Z., Rannala, B., & Zhang, C. (2020). Molecular Evolutionary Analyses of ITS Sequences in Angiosperm Species. *Journal of Evolutionary Biology*, 33(5), 400-412. <https://doi.org/10.1111/jeb.13556>
- Zahro, A. (2016). Herbarium as a Tool for Morphological Identification. *Indonesian Journal of Botany*, 22(1), 12-20. <https://doi.org/10.1007/s10265-015-0716-7>
- Zhang, H., & Liu, G. (2021). AFLP Markers in Plant Taxonomy and Phylogeny: Recent Advances". *Genetic Markers in Botany*, 21, 145-167

LAMPIRAN**Lampiran 1. Sekuen *Syzygium* sp. (V.B.153)**

>5052889_V_B_153_ITS_17Se_F

CGCCGCCGATGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTT
AGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGC
GGAAGGATCATTGTCTGAATCCTGCCTAGCAGAATGACCAGAGAA
CCAGTAACAACTCAACGGGGACGGCGGGCCTCGCCCAACGTCT
CCAGACGCTTGATGGCACGGGTGCCTACGGGTGCTCGGGCTTC
TCTCGGCGGCACAACGAACCCCGGCGCGGAATGCGCCAAGGAAC
TTTAACAAGAGAGCGATGCTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGCGT
GTGCGGGATGCCATGCAATCTCCTATTATTCATAACGACTCTCG
GCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAA
CTGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAG
TCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCTTCGGTTGAGGGCACGT
TTGCCTGGGTGTCACACATGGCGTTGCCCTAACCCCTCGCCTT
GAATTGGGCGGGCGGGACTTGGGTGCGTATGTTGGCCTCCCGAG
ATGAACTTATCCCGGTTGGCCCCAAAATCGAGCGTTGGAGCGATT
AGCACCACGACATTTCGGTGGTTGATGAGACCCCAATGATCAATG
TCGTGCGTGTCGCTCATGCACATGCTCCACGAATCTACCTTTCA
CCAACGCGACCCCAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAG
CATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTCCTTA
GTAACGG

>5052890_V_B_153_ITS_26Se_R

TGTCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGTGGGCGGTTTCGCCG
CCGATGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGG
AAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAG
GATCATTGTCTGAATCCTGCCTAGCAGAATGACCAGAGAACCAGT
AACAAACTCAACGGGGACGGCGGGCCTCGCCCAACGTCTCCAGA
CGCTTGGATGGCACGGGTGCCTACGGGTGCTCGGGCTTCTCTCG
GCGGCACAACGAACCCCGGCGCGGAATGCGCCAAGGAACCTTTAA
CAAGAGAGCGATGCTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGCGTGTGCG
GGATGCCATGCAATCTCCTATTATTACATAACGACTCTCGGCAAC
GGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAACTGCG
ATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTT
GAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCTTCGGTTGAGGGCACGTTTGCC
TGGGTGTCACACATGGCGTTGCCCTAACCCTCGCCTTGAATT
GGGCGGGCGGGACTTGGGTGCGTATGTTGGCCTCCCGAGATGAA
CTTATCCCGGTTGGCCCCAAAATCGAGCGTTGGAGCGATTAGCAC
CACGACATTCGGTGGTTGATGAGACCCCAATGATCAATGTCGTG
CGTGTGCTCATGCACATGCTCCACGAATCTACCTTTCACCAAC
GCGACCCCAAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATAT
CAATAAGCGGAGGAAAA

>CONTIG_ITS_V_B_153

TGTCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGTGGGCGGTTTCGCCG
CCGATGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGG
AAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAG

GATCATTGTGCGAATCCTGCCTAGCAGAATGACCAGAGAACCAGT
AACAAACTCAACGGGGACGGCGGGCCTCGCCCAACGTCTCCAGA
CGCTTGGATGGCACGGGTGCCTACGGGTGCTCGGGCTTCTCTCG
GCGGCACAACGAACCCCGGCGCGGAATGCGCCAAGGAACTTTAA
CAAGAGAGCGATGCTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGCGTGTGCG
GGATGCCATGCAATCTCCTATTATTACATAACGACTCTCGGCAAC
GGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAACTGCG
ATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTT
GAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCTTCGGTTGAGGGCACGTTTGCC
TGGGTGTCACACATGGCGTTGCCCTAACCCTCGCCTTGAATT
GGGCGGGCGGGACTTGGGTGCGTATGTTGGCCTCCCGAGATGAA
CTTATCCCGTTGGCCCCAAAATCGAGCGTTGGAGCGATTAGCAC
CACGACATTCGGTGGTTGATGAGACCCCAATGATCAATGTCGTG
CGTGTCGCTCATGCACATGCTCCACGAATCTACCTTTCACCAAC
GCGACCCCAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATAT
CAATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTCCCTAGTAAC
GG

>5052903_V_B_153_matK_F

GATGCCTCTTCTTTGCATTTATTACGTTTCTTTCTCCACGAGTA
TTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAACATATTACCCTTTTTT
CAAAAGGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTATATAATTCTCAT
ATATGTGAATACGAATCCATCTTTCTTTTTCTCCGTAATCAATC
TTCTCATTTACGGTCAACATCTTCTGGAATCTTTTTTGAGCGAA
TCTATTTCTATGTAAAAATAGAACATTTTGCCAAAGTCTTCTTT

GATAATGATTTTCAGTGCATCCTATGGTTCTTCAAAGATCCTTT
CATGCATTATGTTAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAA
AAGATACGCCTCTTCTGATGAATAAATGGAAATATTACCTTGTT
ACTTTATGGCAATATCATTTTTATGCGTGGTTTCAACCAGGAAG
GATCGATATAAACCAATTATGCAAGTATTCTCTTGACTTTTTGG
GCTATCGTTCAAGCGTACGACTAAATTCTTCAGTGGTACGAAGT
CAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAATAAATAATGCTATGAAGAA
GTTTCGAGACAATAGTTCCAATTATTCCCTCTGATTGGATCATTGT
CTAAAGCGAATTTTTGTAACACATTAGGGCATCCCATTAGTAAA
CCGACCCGGGCTGATTCATCAGATTCTGATATTATCGACCGTTT
TTTGCGTATATGCAGAAATCTTCTCATTATCACAGTGGATCCT
CAAAAAAAAAAGAGTTTATATCGAGTAAAATATATACTTCGACTT
TCTTGTTGTTAAACTTTGGCTCGTAAA

>5052904_v_B_153_matK_R

AATCTTGTTCAAACCCCTTCGCTACTGGGTGAAAGATGCCTCTT
CTTTGCATTTATTACGTTTCTTCTCCACGAGTATTGGAATAGT
CTTATTACTCCAAAGAAACATATTACCCTTTTTTCAAAGGTAA
TCCAAGATTATTCTTGTTCCCTATATAATTCTCATATATGTGAAT
ACGAATCCATCTTTCTTTTCTCCGTAATCAATCTTCTCATTTA
CGGTCAACATCTTCTGGAATCTTTTTTGAGCGAATCTATTTCTA
TGTA AAAAATAGAACATTTTGCCAAAGTCTTCTTTGATAATGATT
TTCAGTGCATCCTATGGTTCTTCAAAGATCCTTTCATGCATTAT
GTTAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAAAGATACGCC
TCTTCTGATGAATAAATGGAAATATTACCTTGTTACTTTATGGC

AATATCATTTTTATGCGTGGTTTCAACCAGGAAGGATCGATATA
AACCAATTATGCAAGTATTCTCTTGACTTTTTGGGCTATCGTTC
AAGCGTACGACTAAATTCTTCAGTGGTACGAAGTCAAATGCTAG
AAAATTCATTTCTAATAAATAATGCTATGAAGAAGTTCGAGACA
ATAGTTCCAATTATTCCTCTGATTGGATCATTGTCTAAAGCGAA
TTTTTGTAACACATTAGGGCATCCCATTAGTAAACCGACCCGGG
CTGATTCATCAGATTCTGATATTATCGACCGTTTTTTGCGTATA
TGCAGAAATCTTTCTCATTATCACAGTGGATCCTCAAAAAAAAAA
GAGTTTATATCGAGTAAAATATATACT

>CONTIG_ matK_V_B_153

AATCTTGGTTCAAACCCCTTCGCTACTGGGTGAAAGATGCCTCTT
CTTTGCATTTATTACGTTTCTTTCTCCACGAGTATTGGAATAGT
CTTATTACTCCAAAGAAACATATTACCCTTTTTTCAAAGGTAA
TCCAAGATTATTCTTGTTCCCTATATAATTCTCATATATGTGAAT
ACGAATCCATCTTTCTTTTTCTCCGTAATCAATCTTCTCATTTA
CGGTCAACATCTTCTGGAATCTTTTTTGAGCGAATCTATTTCTA
TGTA AAAATAGAACATTTTGCCAAAGTCTTCTTTGATAATGATT
TTCAGTGCATCCTATGGTTCTTCAAAGATCCTTTTCATGCATTAT
GTTAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAAAGATACGCC
TCTTCTGATGAATAAATGGAAATATTACCTTGTTACTTTATGGC
AATATCATTTTTATGCGTGGTTTCAACCAGGAAGGATCGATATA
AACCAATTATGCAAGTATTCTCTTGACTTTTTGGGCTATCGTTC
AAGCGTACGACTAAATTCTTCAGTGGTACGAAGTCAAATGCTAG
AAAATTCATTTCTAATAAATAATGCTATGAAGAAGTTCGAGACA

ATAGTTCCAATTATTCTCTGATTGGATCATTGTCTAAAGCGAA
 TTTTTGTAACACATTAGGGCATCCCATTAGTAAACCGACCCGGG
 CTGATTCATCAGATTCTGATATTATCGACCGTTTTTTGCGTATA
 TGCAGAAATCTTTCTCATTATCACAGTGGATCCTCAAAAAAAAAA
 GAGTTTATATCGAGTAAAATATATACTTCGACTTTCTTGTGTTA
 AAACTTTGGCTCGTAAA

Lampiran 2. Sekuen *Syzygium* sp. (V.C.122)

>5052891_v_c_122 ITS_17Se_F

TCGCCGCCGATGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATT
 TAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTG
 CGGAAGGATCATTGTGCAATCCTGCCTAGCAAAATGACCAGAGA
 ACTCGTGACAACTCAATGGGGGCGGTGGGATTCTGCTCATCGC
 CCCTCGACGTCGGGGATCGCACGGGGCGCTAGAGCGCTCGGGCT
 TTTCTCGACGGCACAACGAACCTCCGGCGCGGAACGCGCCAAGGA
 ACTTGAACAAGAGAGCGATGCTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGC
 GCGTGTGGGATGCCATCCGATCTCCCATTATTTCATAACGACTCT
 CGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCG
 AACTGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
 AGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATTCTGGTCGAGGGC
 ACGTTTGCCTGGGTGTCACACACGGCGTTGCCCTAATCCCTTG
 CCCAATTCTTGGGCAGGCAGGATTCGGGAGCGTAAGTTGGCCTC
 CCGCGACGACTTAGTCCCGGTTGGCCTAAAATCGAGCGCTGGAG
 CGATTAGCACCACGACATTTCGGTGGTTTGATGAAGACCCCAATG
 ATCAATGTCATGCGTGTGCTCGTTCGTGCGAGCGCTCCACGAATCTA

CTATTTACCAACGCGACCCCAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGA
GTTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGAT
TCCCCTA

>5052892_v_c_122 ITS_26Se_R

TCGGATCGCGGCGACGTGGGCGGTTCCGCCCGGATGACGTCGCG
AGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTA
ACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAAT
CCTGCCTAGCAAAATGACCAGAGAACTCGTGACAACTCAATGG
GGGCGGTGGGATTCTGTCTCATCGCCCCCTCGACGTCGGGGATCGC
ACGGGCGCCTAGAGCGCTCGGGCTTTTCTCGACGGCACAACGAA
CTCCGGCGCGGAACGCGCCAAGGAACTTGAACAAGAGAGCGATG
CTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGCGCGTGTGGGATGCCATCCGA
TCTCCCATTATTTCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCT
CTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAACTGCGATACTTGGTGTGA
ATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGC
GCCCCAAGCCATTTCGGTCGAGGGCACGTTTGCCTGGGTGTCACA
CACGGCGTTGCCCTAATCCCTTGCCCAATTCTTGGGCAGGCAG
GATTTCGGGAGCGTAAGTTGGCCTCCCGCGACGACTTAGTCCCGG
TTGGCCTAAAATCGAGCGCTGGAGCGATTAGCACCACGACATTC
GGTGGTTTGATGAAGACCCCAATGATCAATGTCATGCGTGTGCG
TCGTGCGAGCGCTCCACGAATCTACTATTTACCAACGCGACCCC
AGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGC
GGAGGAA

> CONTIG _ITS_V_C_122

TCGGATCGCGGCGACGTGGGCGGTTTCGCCGCCGATGACGTCGCG
AGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTA
ACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCAAT
CCTGCCTAGCAAAATGACCAGAGAACTCGTGACAACTCAATGG
GGGCGGTGGGATTTCGTCTCATCGCCCCCTCGACGTCGGGGATCGC
ACGGGCGCCTAGAGCGCTCGGGCTTTTCTCGACGGCACAACGAA
CTCCGGCGCGGAACGCGCCAAGGAAC TTGAACAAGAGAGCGATG
CTCCCGTCGCCCCAGACATGGTGC GCGTGTGGGATGCCATCCGA
TCTCCCATTTATTCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCT
CTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAACTGCGATACTTGGTGTGA
ATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGC
GCCCCAAGCCATTTCGGTCGAGGGCACGTTTGCCTGGGTGTACA
CACGGCGTTGCCCCTAATCCCTTGCCCAATTCTTGGGCAGGCAG
GATTCGGGAGCGTAAGTTGGCCTCCCGCGACGACTTAGTCCCGG
TTGGCCTAAAATCGAGCGCTGGAGCGATTAGCACACGACATTC
GGTGGTTTGATGAAGACCCCAATGATCAATGTCATGCGTGTGCG
TCGTGCGAGCGCTCCACGAATCTACTATTTACCAACGCGACCCC
AGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGC
GGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTCCCCTA

>5052905_V_C_122_matK_F

ATGCCTCTTCTTTGCATTTATTACGTTTCTTTTTCCACGAGTAT
TGGAATAGTCTTATTACTCCAAGAAACATATTCCCATTTTTTC
AAAAGGGAATCCAAGATTCTTCTTGTTCCTATATAATTCTCATA

TGTGTGAATACGAATCTATCTTTCTTTTTCTCCGTAATCAATCT
TCTCATTTACGGTCAACATCTTCTGGAATCTTTTTTGAGCGAAT
CTATTTCTATGTAAAAATAGAACATTTTGCCAAAGTCTTCTTTG
ATAATGATTTTCAGTGCATCCTATGGTTCTTCAAAGATCCTTTC
ATGCATTATGTTAAATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAA
AGATACGCCTCTTTTCATAAATAAATGGAAATATTACCTTGTTA
ATTTATGGCAATATCATTTTTACGCGTGGTTTCAACCAGGAAGG
ATCGATATAAACCAATTATGCAAGTATTCTATTGACTTTTTGGG
CTATCGTTCAAGCGTGCGACTAAATTCTTCAGTGGTACGAAGTC
AAATGCTAGAAAATTCATTTCTAATAAATAATGCTATGAAGAAG
TTCGAGACAATAGTTCCGATTATTCCTCTGATTGGATCATTGTC
TAAAGCGAATTTTTGTAACACATTAGGGCATCCCATTAGTAAAC
CGACCCGGACTGATTTCTCAGATTCCGATATTATCGACCGTTTT
TTGCGTATATGCAGAAATCTTTCTCATTATCACAGTGGATCCTC
AAAAAAAAAGAGTTTATATCGAGTAAAATATATACTTCGACTTT
CTTGTGTTAAACTTTAGCTCGTAAA

>5052906_v_c_122_matK_R

ATCCTCTTTCCCCNCCCCACTGGAATCTTGGTTCAAACCCTTC
GCTACTGGGTGAAAGATGCCTCTTCTTTGCATTTATTACGTTTC
TTTTTCCACGAGTATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAACA
TATTCCCATTTTTTTCAAAGGGAATCCAAGATTCTTCTTGTTCC
TATATAATTCTCATATGTGTGAATACGAATCTATCTTTCTTTTT
CTCCGTAATCAATCTTCTCATTTACGGTCAACATCTTCTGGAAT
CTTTTTTGAGCGAATCTATTTCTATGTAAAAATAGAACATTTTG

CCAAAGTCTTCTTTGATAATGATTTTCAGTGCATCCTATGGTTC
TTCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTAAATATCAAGGAAAATC
AATTCTGGCTTCAAAAGATACGCCTCTTTTCATAAATAAATGGA
AATATTACCTTGTTAATTTATGGCAATATCATTTTTACGCGTGG
TTTCAACCAGGAAGGATCGATATAAACCAATTATGCAAGTATTC
TATTGACTTTTTGGGCTATCGTTCAAGCGTGCGACTAAATTCTT
CAGTGGTACGAAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAATAAAT
AATGCTATGAAGAAGTTCGAGACAATAGTTCCGATTATTCCTCT
GATTGGATCATTGTCTAAAGCGAATTTTTGTAAACACATTAGGGC
ATCCCATTAGTAAACCGACCCGGACTGATTTCTCAGATTCCGAT
ATTATCGACCGTTTTTTGCGTATATGCAGAAATCTTCTCATTA
TCACAGTGGATCCTCAAAAAAAAAAGAGTTTATATCGAGTAAAAT
ATA

>CONTIG_matK_V_C_122

ATCCTCTTTCCCCNCCCCACTGGAATCTTGGTTCAAACCCTTC
GCTACTGGGTGAAAGATGCCTCTTCTTTGCATTTATTACGTTTC
TTTTTCCACGAGTATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAACA
TATTCCCATTTTTTTCAAAGGGAATCCAAGATTCTTCTTGTTC
TATATAATTCTCATATGTGTGAATACGAATCTATCTTCTTTTT
CTCCGTAATCAATCTTCTCATTTACGGTCAACATCTTCTGGAAT
CTTTTTTGAGCGAATCTATTTCTATGTAAAAATAGAACATTTTG
CCAAAGTCTTCTTTGATAATGATTTTCAGTGCATCCTATGGTTC
TTCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTAAATATCAAGGAAAATC
AATTCTGGCTTCAAAAGATACGCCTCTTTTCATAAATAAATGGA

AATATTACCTTGTTAATTTATGGCAATATCATTTTTTACGCGTGG
TTTCAACCAGGAAGGATCGATATAAAACCAATTATGCAAGTATTC
TATTGACTTTTTTGGGCTATCGTTCAAGCGTGCGACTAAATTCTT
CAGTGGTACGAAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAATAAAT
AATGCTATGAAGAAGTTCGAGACAATAGTTCCGATTATTCCTCT
GATTGGATCATTGTCTAAAGCGAATTTTTGTAAACACATTAGGGC
ATCCCATTAGTAAACCGACCCGGACTIONGATTCTCAGATTCCGAT
ATTATCGACCGTTTTTTGCGTATATGCAGAAATCTTTCTCATTA
TCACAGTGGATCCTCAAAAAAAAAAGAGTTTATATCGAGTAAAT
ATATACTTCGACTTTCTTGTGTTAAAACTTTAGCTCGTAAA

Lampiran 3. Hasil BLAST Sekuen *matK Syzygium* sp. (V.B.153) di NCBI

select all 700 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer				
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
☒	Syzygium.syzygioides.chloroplast_complete_genome	Syzygium.syzygi	1570	1570	100%	0.0	99.88%	158172	PP975770.1
☒	Syzygium.grande.voucher.LIMP_05.2024.Tramdel.chloroplast_complete_genome	Syzygium.grande	1570	1570	100%	0.0	99.88%	159061	PP893287.1
☒	Syzygium.megacarpum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.mega	1570	1570	100%	0.0	99.88%	158956	NC_082027.1
☒	Syzygium.saveri.chloroplast_complete_genome	Syzygium.saveri	1570	1570	100%	0.0	99.88%	158834	NC_084392.1
☒	Syzygium.pachycladum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.pachy	1570	1570	100%	0.0	99.88%	158853	NC_084389.1
☒	Syzygium.sandwicense.maturase.K(matK).gene.partial.cds.chloroplast	Syzygium.sande	1570	1570	100%	0.0	99.88%	1529	DQ088606.1
☒	Syzygium.polyanthum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.polya	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158527	NC_072879.1
☒	Syzygium.roemerii.chloroplast_complete_genome	Syzygium.roemer	1565	1565	100%	0.0	99.77%	159035	NC_084390.1
☒	Syzygium.nervosum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.nervo	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158979	NC_053907.1
☒	Syzygium.taeniolum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.taenia	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158939	NC_084394.1
☒	Syzygium.samarangense.matK.gene.partial.sequence.and.maturase.K(matK).gene_complete.cds.chloroplast	Syzygium.samar	1565	1565	100%	0.0	99.77%	2059	AY525141.1
☒	Syzygium.samarangense.chloroplast_complete_genome	Syzygium.samar	1565	1565	100%	0.0	99.77%	159109	NC_069657.1
☒	Syzygium.cinearum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.cinea	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158399	NC_086715.1
☒	Syzygium.gardnoides.chloroplast_complete_genome	Syzygium.gardo	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158825	NC_084387.1
☒	Syzygium.bamaense.chloroplast_complete_genome	Syzygium.bama	1565	1565	100%	0.0	99.77%	159175	NC_086714.1
☒	Syzygium.tiernevanum.chloroplast_complete_genome	Syzygium.tierne	1565	1565	100%	0.0	99.77%	159117	NC_084395.1
☒	Syzygium.buxifolium.chloroplast_complete_genome	Syzygium.buxifo	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158581	NC_084371.1
☒	Syzygium.grifol.chloroplast_complete_genome	Syzygium.grifo	1565	1565	100%	0.0	99.77%	158591	NC_065156.1

Lampiran 4. Hasil BLAST Sekuen *matK* *Syzygium* sp. (V.C.122) di NCBI

select all 100 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer				
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒	<i>Decaspermum humile</i> maturase K (matK) gene, partial cds, chloroplast	<i>Decaspermum h...</i>	1554	1554	97%	0.0	99.53%	1386	AY521534.1
☒	<i>Archithodomytus beckeri</i> voucher UNSW23517 trnK gene, intron, and maturase K (matK) gene, complete cd...	<i>Archithodomytu...</i>	1531	1531	97%	0.0	99.06%	2500	AF368197.2
☒	<i>Neomyrtus pedunculata</i> chloroplast	<i>Neomyrtus pedu...</i>	1526	1526	97%	0.0	98.94%	160536	MN214671.1
☒	<i>Rhodomyrtus macrocarpa</i> trnK gene, partial sequence, and maturase K (matK) gene, complete cds, chloroplast	<i>Rhodomyrtus m...</i>	1522	1522	97%	0.0	98.83%	2222	AY525137.1
☒	<i>Neomyrtus pedunculata</i> isolate D1140 voucher CHR631167 trnK gene, intron, and maturase K (matK) gene, c...	<i>Neomyrtus pedu...</i>	1520	1520	97%	0.0	98.83%	2508	KU945988.2
☒	<i>Plinia edulis</i> plastid, complete genome	<i>Plinia edulis</i>	1519	1519	97%	0.0	98.71%	159631	MN095498.1
☒	<i>Plinia trunciflora</i> chloroplast, complete genome	<i>Plinia trunciflora</i>	1515	1515	97%	0.0	98.71%	159512	NC_034801.1
☒	<i>Neomyrtus pedunculata</i> M333 NZFR12307 maturase K (matK) gene, partial cds, chloroplast	<i>Neomyrtus pedu...</i>	1515	1515	96%	0.0	98.94%	847	KM065697.1
☒	<i>Myrcia amethystea</i> voucher D.F. Lima 365 chloroplast, complete genome	<i>Myrcia amethyst...</i>	1515	1515	97%	0.0	98.71%	156498	NC_051499.1
☒	<i>Rhodomyrtus tomentosa</i> chloroplast, complete genome	<i>Rhodomyrtus to...</i>	1515	1515	97%	0.0	98.71%	156129	NC_043848.1
☒	<i>Myrtastrium rufopunctatum</i> isolate ZNOVY trnK gene, partial sequence, and maturase K (matK) gene, complete...	<i>Myrtastrium ruf...</i>	1515	1515	97%	0.0	98.71%	2499	OM752362.1
☒	<i>Calycotome mollis</i> voucher COL IRNA-15a trnK gene, intron, and maturase K (matK) gene, complete cd...	<i>Calycotome moll...</i>	1515	1515	97%	0.0	98.71%	2546	KU945991.1
☒	<i>Neomyrtus pedunculata</i> M227 NZFR117321 maturase K (matK) gene, partial cds, chloroplast	<i>Neomyrtus pedu...</i>	1511	1511	96%	0.0	98.93%	845	KM065693.1
☒	<i>Uromyrtus neomyrtoides</i> isolate D2013 trnK gene, partial sequence, and maturase K (matK) gene, complete c...	<i>Uromyrtus neom...</i>	1509	1509	97%	0.0	98.59%	2474	OM752369.1
☒	<i>Myrcia blacensis</i> isolate PECB157 maturase K (matK) gene, partial cds, chloroplast	<i>Myrcia blacensis</i>	1509	1509	97%	0.0	98.59%	861	MG718719.1
☒	<i>Calycotrinthes caliens</i> trnK gene, partial sequence, and maturase K (matK) gene, complete cds, chloroplast	<i>Calycotrinthes c...</i>	1506	1506	97%	0.0	98.48%	1947	AF368201.2
☒	<i>Pimenta racemosa</i> maturase K (matK) gene, partial cds, chloroplast	<i>Pimenta racemosa</i>	1504	1504	97%	0.0	98.48%	1532	QD088554.1
☒	<i>Campomanesia xanthocarpa</i> chloroplast, complete genome	<i>Campomanesia ...</i>	1504	1504	97%	0.0	98.48%	158131	KY3392760.1

Lampiran 5. Hasil BLAST Sekuen *ITS* *Syzygium* sp. (V.B.153) di NCBI

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒	<i>Syzygium</i> sp. NIT-2019 voucher V9912 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed...	<i>Syzygium sp. NT...</i>	1328	1328	89%	0.0	96.54%	754	MN852321.1
☒	<i>Syzygium alatum</i> isolate D2125 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1...	<i>Syzygium alatum</i>	1319	1319	93%	0.0	97.07%	788	QM218686.1
☒	<i>Acca sellowiana</i> voucher HUEFS M. Ibrahim, et al. 165 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, inter...	<i>Acca sellowiana</i>	1266	1266	99%	0.0	93.96%	867	OK544077.1
☒	<i>Syzygium jambos</i> cultivar Shikoutan 105 ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8...	<i>Syzygium jambos</i>	1258	1258	85%	0.0	96.20%	720	KC181599.1
☒	<i>Syzygium</i> sp. NIT-2019 voucher V10047 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed...	<i>Syzygium sp. NT...</i>	1256	1256	84%	0.0	98.73%	710	MN852287.1
☒	<i>Lenesibbia prominens</i> voucher N. Nicholson 2393 (BR1) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, inter...	<i>Lenesibbia promi...</i>	1254	1254	99%	0.0	93.71%	864	KX522583.1
☒	<i>Ugni myricoides</i> voucher H. Ratamales 11809 (EIF) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tr...	<i>Ugni myricoides</i>	1251	1251	99%	0.0	93.70%	854	KX522587.1
☒	<i>Ugni candollei</i> voucher H. Ratamales 11805 (EIF) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tra...	<i>Ugni candollei</i>	1251	1251	99%	0.0	93.70%	854	KX522586.1
☒	<i>Lenesibbia lasioclada</i> voucher P.J. Forster 17723 (BR1) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, intern...	<i>Lenesibbia lasioc...</i>	1249	1249	99%	0.0	93.59%	864	KX522592.1
☒	<i>Syzygium jambos</i> 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 26S rRNA gene (partial), ITS1 and ITS2, specimen y...	<i>Syzygium jambos</i>	1245	1245	83%	0.0	96.58%	703	AM234135.1
☒	<i>Radula insularis</i> genomic DNA containing 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 26S rRNA gene, blo...	<i>Radula insularis</i>	1245	1245	85%	0.0	97.92%	719	HFS48936.1
☒	<i>Syzygium aquium</i> voucher KRB V.B.148 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed...	<i>Syzygium aquium</i>	1243	1243	86%	0.0	97.12%	729	OR644132.1
☒	<i>Syzygium samarangense</i> voucher KRB II P.115 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal trans...	<i>Syzygium samar...</i>	1240	1240	100%	0.0	97.50%	721	OR644131.1
☒	<i>Campomanesia xanthocarpa</i> var. <i>xanthocarpa</i> voucher HUEFS M. Ibrahim, et al. 227 small subunit ribosomal RN...	<i>Campomanesia x...</i>	1240	1240	100%	0.0	93.38%	851	OK544074.1
☒	<i>Campomanesia rhombica</i> voucher FLOR R.C. Avel 433 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, intern...	<i>Campomanesia r...</i>	1240	1240	99%	0.0	93.47%	862	OK544069.1
☒	<i>Campomanesia rhombica</i> voucher HUEFS M. Ibrahim, et al. 223 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequ...	<i>Campomanesia r...</i>	1240	1240	99%	0.0	93.47%	849	OK544067.1
☒	<i>Campomanesia sessiliflora</i> var. <i>lanuginosa</i> voucher UR J.E.G. Faria, & D. Villarroel 526 small subunit ribosomal RN...	<i>Campomanesia s...</i>	1238	1238	99%	0.0	93.36%	869	OK544070.1
☒	<i>Syzygium samarangense</i> cultivar Madu Thailand small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tra...	<i>Syzygium samar...</i>	1234	1234	86%	0.0	96.84%	730	Q9897496.1
☒	<i>Campomanesia velutina</i> voucher HUEFS M. Ibrahim, et al. 219 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequen...	<i>Campomanesia v...</i>	1234	1234	99%	0.0	93.55%	876	OK544071.1
☒	<i>Campomanesia velutina</i> voucher HUEFS M. Ibrahim, et al. 427 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequen...	<i>Campomanesia v...</i>	1234	1234	99%	0.0	93.55%	863	OK544068.1

Lampiran 6. Hasil BLAST Sekuen *ITS Syzygium* sp. (VC.122) di NCBI

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
✓	<i>Ugni myricoides</i> voucher H Retamales 19809 (EIF) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tra	<i>Ugni myricoides</i>	1271	1271	100%	0.0	94.65%	854	KX522587.7
✓	<i>Ugni candollei</i> voucher H Retamales 11806 (EIF) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tra	<i>Ugni candollei</i>	1271	1271	100%	0.0	94.65%	854	KX522586.1
✓	<i>Myrcia subverticillata</i> voucher Lucas 251.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer	<i>Myrcia subverticillata</i>	1251	1251	98%	0.0	94.48%	813	JN091244.1
✓	<i>Acacia sellowiana</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_165 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, inter	<i>Acacia sellowiana</i>	1243	1243	100%	0.0	93.96%	867	OK644077.7
✓	<i>Lennebbia lasiocarpa</i> voucher P.I. Foster 17723 (IBI) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, intern	<i>Lennebbia lasiocarpa</i>	1240	1240	100%	0.0	93.95%	864	KX522592.1
✓	<i>Lennebbia prominens</i> voucher N Nicholson 2393 (IBI) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, inter	<i>Lennebbia prominens</i>	1240	1240	100%	0.0	93.95%	864	KX522593.1
✓	<i>Campananisia sessiliflora</i> var. <i>lanceolata</i> voucher UB J.E.O. Faris & O. Villarreal 926 small subunit ribosomal RN	<i>Campananisia sessiliflora</i>	1232	1232	100%	0.0	93.71%	869	OK644070.7
✓	<i>Myrcia guianensis</i> voucher Lucas 141.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1.5	<i>Myrcia guianensis</i>	1227	1227	98%	0.0	93.98%	812	JN091224.1
✓	<i>Eugenia pyrrhoma</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1.5.8S ribosomal RNA	<i>Eugenia pyrrhoma</i>	1227	1227	99%	0.0	93.70%	816	KJ187339.1
✓	<i>Myrcia vasilla</i> voucher Lucas 93.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1.5.8S d	<i>Myrcia vasilla</i>	1225	1225	98%	0.0	93.99%	809	JN091249.1
✓	<i>Campananisia rostrata</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_231 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequ	<i>Campananisia rostrata</i>	1218	1218	100%	0.0	93.48%	866	OK644068.1
✓	<i>Campananisia euphorbia</i> var. <i>dissectum</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_193 small subunit ribosomal RNA	<i>Campananisia euphorbia</i>	1216	1216	100%	0.0	93.40%	878	OK644059.7
✓	<i>Campananisia adamantinum</i> voucher HUEFS M Ibrahim 180 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	<i>Campananisia adamantinum</i>	1212	1212	100%	0.0	93.36%	863	OK644050.7
✓	<i>Campananisia xanthocarpa</i> var. <i>xanthocarpa</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_227 small subunit ribosomal RN	<i>Campananisia xanthocarpa</i>	1212	1212	100%	0.0	93.35%	851	OK644074.7
✓	<i>Campananisia valvulata</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_210 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequen	<i>Campananisia valvulata</i>	1212	1212	100%	0.0	93.36%	876	OK644063.7
✓	<i>Campananisia rhombica</i> voucher FLORIC Aul 433 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, intern	<i>Campananisia rhombica</i>	1212	1212	100%	0.0	93.36%	862	OK644069.7
✓	<i>Campananisia xanthocarpa</i> var. <i>xanthocarpa</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_179 HUEFS small subunit ribos	<i>Campananisia xanthocarpa</i>	1212	1212	100%	0.0	93.35%	874	OK644072.7
✓	<i>Campananisia xanthocarpa</i> var. <i>littoralis</i> voucher HUEFS M Ibrahim_A.D.B Falkenberg 229 small subunit ribosa	<i>Campananisia xanthocarpa</i>	1212	1212	100%	0.0	93.36%	876	OK644075.7
✓	<i>Campananisia rhombica</i> voucher HUEFS M Ibrahim_et_al_223 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequ	<i>Campananisia rhombica</i>	1212	1212	100%	0.0	93.36%	849	OK644067.7
✓	<i>Rhodomyrtus tomentosa</i> voucher FTG Pickinow 2016 FL-2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence 1	<i>Rhodomyrtus tomentosa</i>	1210	1210	92%	0.0	95.30%	762	MN295367.1

Lampiran 7. Hasil Alignment Sekuen *matK*

#Syzygium_sp._(VB.153)	AAT CTT GGT TCA AAC CCG TCG CTA CTG GGT GAA AGA TGC CTC TTC TTT GCA TTT ATT ACG TTT CTT TCT CCA CGA GGA	[78]
#Syzygium.sp._(VC.122)		[78]
#NC_084389.1: Syzygium pachycladum	A.....	[78]
#PF093287.1: Syzygium grande		[78]
#NC_082027.1: Syzygium megacarpum		[78]
#NC_084392.1: Syzygium sayeri		[78]
#PF0975770.1: Syzygium syzygioides		[78]
#DQ088606.1: Syzygium sanduicensae		[78]
#PF145305.1: Syzygium cinereum		[78]
#NC_084380.1: Syzygium alatum		[78]
#AF368221.2: Syzygium australe		[78]
#DQ088605.1: Syzygium samarangense		[78]
#KM752365.1: Syzygium alatum		[78]
#KF530683.1: Decaspermum parviflorum		[78]
#AX521534.1: Decaspermum humile		[78]
#KM094754.1: Decaspermum humile		[78]
#K0310961.1: Decaspermum gracilentum		[78]
#PF623867.1: Xanthostemon youngii		[78]
#KM065331.1: Xanthostemon chrysanthus		[78]
#GU135087.1: Psidium guajava		[78]
#Syzygium.sp._(VB.153)	TTG GAA TAG TCT TAT TAC TCC AAA GAA ACA TAT TAC CTT TTT TTC AAA AGG TAA TCC AAG ATT ATT CTT GTT CCT ATA	[156]
#Syzygium.sp._(VC.122)		[156]
#NC_084389.1: Syzygium pachycladum	C.....	[156]
#PF093287.1: Syzygium grande		[156]
#NC_082027.1: Syzygium megacarpum		[156]
#NC_084392.1: Syzygium sayeri		[156]
#PF0975770.1: Syzygium syzygioides		[156]
#DQ088606.1: Syzygium sanduicensae		[156]
#PF145305.1: Syzygium cinereum		[156]
#NC_084380.1: Syzygium alatum		[156]
#AF368221.2: Syzygium australe	T.....	[156]
#DQ088605.1: Syzygium samarangense		[156]
#KM752365.1: Syzygium alatum		[156]
#KF530683.1: Decaspermum parviflorum	C.....	[156]
#AX521534.1: Decaspermum humile	C.....	[156]
#KM094754.1: Decaspermum humile	C.....	[156]
#K0310961.1: Decaspermum gracilentum	C.....	[156]
#PF623867.1: Xanthostemon youngii	A.....	[156]
#KM065331.1: Xanthostemon chrysanthus	T.....	[156]
#GU135087.1: Psidium guajava	T.....G.....C.....TA.....	[156]

#Syzygium_sp._(VB.153)	TAA TTC TCA TAT ATG TGA ATA CGA ATC CAT CTT TCT TTT TCT CCG TAA TCA ATC TTC TCA TTT ACG GTC AAC ATC TTC	[234]
#Syzygium_sp._(VC.122)	...	[234]
#NC_084389.1: Syzygium_pachycladum	...	[234]
#PF893287.1: Syzygium_grande	...	[234]
#NC_082027.1: Syzygium_megacarpum	...	[234]
#NC_084392.1: Syzygium_saveri	...	[234]
#PF975770.1: Syzygium_syzygioides	...	[234]
#DQ088606.1: Syzygium_sandauicense	...	[234]
#PF145305.1: Syzygium_cinereum	...	[234]
#NC_084380.1: Syzygium_alatum	...	[234]
#AF368221.2: Syzygium_australe	...	[234]
#DQ088605.1: Syzygium_samarangense	...	[234]
#NCM752365.1: Syzygium_alatum	...	[234]
#KR530683.1: Decaspermum_parciflorum	...	[234]
#X521534.1: Decaspermum_humile	...	[234]
#KM094754.1: Decaspermum_humile	...	[234]
#KJ310961.1: Decaspermum_gracilentum	...	[234]
#PF623867.1: Xanthostemon_youngii	...	[234]
#KM065331.1: Xanthostemon_chrysanthus	...	[234]
#GU135087.1: Psidium_guajava	...	[234]
#Syzygium_sp._(VB.153)	TGG AAT CTT TTT TGA GCG AAT CTA TTT CTA TGT AAA AAT AGA ACA TTT TGC CAA AGT CTT CTT TGA TAA TGA TTT TCA	[312]
#Syzygium_sp._(VC.122)	...	[312]
#NC_084389.1: Syzygium_pachycladum	...	[312]
#PF893287.1: Syzygium_grande	...	[312]
#NC_082027.1: Syzygium_megacarpum	...	[312]
#NC_084392.1: Syzygium_saveri	...	[312]
#PF975770.1: Syzygium_syzygioides	...	[312]
#DQ088606.1: Syzygium_sandauicense	...	[312]
#PF145305.1: Syzygium_cinereum	...	[312]
#NC_084380.1: Syzygium_alatum	...	[312]
#AF368221.2: Syzygium_australe	...	[312]
#DQ088605.1: Syzygium_samarangense	...	[312]
#NCM752365.1: Syzygium_alatum	...	[312]
#KR530683.1: Decaspermum_parciflorum	...	[312]
#X521534.1: Decaspermum_humile	...	[312]
#KM094754.1: Decaspermum_humile	...	[312]
#KJ310961.1: Decaspermum_gracilentum	...	[312]
#PF623867.1: Xanthostemon_youngii	...	[312]
#KM065331.1: Xanthostemon_chrysanthus	...	[312]
#GU135087.1: Psidium_guajava	...	[312]
#Syzygium_sp._(VB.153)	GTG CAT CCT ATG GTT CTT CAA AGA TCC TTT CAT GCA TTA TGT TAG ATA TCA AGG AAA ATC AAT TCT GGC TTC AAA AGA	[390]
#Syzygium_sp._(VC.122)	...	[390]
#NC_084389.1: Syzygium_pachycladum	...	[390]
#PF893287.1: Syzygium_grande	...	[390]
#NC_082027.1: Syzygium_megacarpum	...	[390]
#NC_084392.1: Syzygium_saveri	...	[390]
#PF975770.1: Syzygium_syzygioides	...	[390]
#DQ088606.1: Syzygium_sandauicense	...	[390]
#PF145305.1: Syzygium_cinereum	...	[390]
#NC_084380.1: Syzygium_alatum	...	[390]
#AF368221.2: Syzygium_australe	...	[390]
#DQ088605.1: Syzygium_samarangense	...	[390]
#NCM752365.1: Syzygium_alatum	...	[390]
#KR530683.1: Decaspermum_parciflorum	...	[390]
#X521534.1: Decaspermum_humile	...	[390]
#KM094754.1: Decaspermum_humile	...	[390]
#KJ310961.1: Decaspermum_gracilentum	...	[390]
#PF623867.1: Xanthostemon_youngii	...	[390]
#KM065331.1: Xanthostemon_chrysanthus	...	[390]
#GU135087.1: Psidium_guajava	...	[390]
#Syzygium_sp._(VB.153)	TAC GCC TCT TCT GAT GAA TAA ATG GAA ATA TTA CCT TGT TAC TTT ATG GCA ATA TCA TTT TTA TGC GTG GTT TCA ACC	[468]
#Syzygium_sp._(VC.122)	...	[468]
#NC_084389.1: Syzygium_pachycladum	...	[468]
#PF893287.1: Syzygium_grande	...	[468]
#NC_082027.1: Syzygium_megacarpum	...	[468]
#NC_084392.1: Syzygium_saveri	...	[468]
#PF975770.1: Syzygium_syzygioides	...	[468]
#DQ088606.1: Syzygium_sandauicense	...	[468]
#PF145305.1: Syzygium_cinereum	...	[468]
#NC_084380.1: Syzygium_alatum	...	[468]
#AF368221.2: Syzygium_australe	...	[468]
#DQ088605.1: Syzygium_samarangense	...	[468]
#NCM752365.1: Syzygium_alatum	...	[468]
#KR530683.1: Decaspermum_parciflorum	...	[468]
#X521534.1: Decaspermum_humile	...	[468]
#KM094754.1: Decaspermum_humile	...	[468]
#KJ310961.1: Decaspermum_gracilentum	...	[468]
#PF623867.1: Xanthostemon_youngii	...	[468]
#KM065331.1: Xanthostemon_chrysanthus	...	[468]
#GU135087.1: Psidium_guajava	...	[468]

<i>NSyszygium_sp._(VB.153)</i>	AGG AAG GAT CGA TAT AAA CCA ATT ATG CAA GZA TTC TCT TGA CTT TTT GGG CTA TCG TTC AAG CGT ACG ACT AAA TTC	[546]
<i>NSyszygium_sp._(VC.122)</i>		[546]
<i>NCN_084389.1: Syszygium_pachycladum</i>		[546]
<i>PPF893287.1: Syszygium_grande</i>		[546]
<i>NCN_082027.1: Syszygium_megacarpum</i>		[546]
<i>NCN_084392.1: Syszygium_meyerii</i>		[546]
<i>PPF975770.1: Syszygium_syzygioides</i>		[546]
<i>NDQ088606.1: Syszygium_sandwicense</i>		[546]
<i>PPF145305.1: Syszygium_cinereum</i>		[546]
<i>NCN_084380.1: Syszygium_alatum</i>		[546]
<i>NAF368221.2: Syszygium_australe</i>		[546]
<i>NDQ088605.1: Syszygium_samarangense</i>		[546]
<i>NCN752365.1: Syszygium_alatum</i>		[546]
<i>NRK530683.1: Decaspermum_parciflorum</i>		[546]
<i>NAF521534.1: Decaspermum_humile</i>		[546]
<i>NRK0894754.1: Decaspermum_humile</i>		[546]
<i>NRK510961.1: Decaspermum_gracilentum</i>		[546]
<i>PPF623867.1: Xanthostemon_youngii</i>		[546]
<i>NRK065331.1: Xanthostemon_chrysanthus</i>		[546]
<i>GSU135087.1: Psidium_guajava</i>		[546]
<i>NSyszygium_sp._(VB.153)</i>	TTC AGT GGT ACG AAG TCA AAT GCT AGA AAA TTC ATT TCT AAT AAA TAA TGC TAT GAA GAA GTT CGA GAC AAT AGT TCC	[624]
<i>NSyszygium_sp._(VC.122)</i>		[624]
<i>NCN_084389.1: Syszygium_pachycladum</i>		[624]
<i>PPF893287.1: Syszygium_grande</i>		[624]
<i>NCN_082027.1: Syszygium_megacarpum</i>		[624]
<i>NCN_084392.1: Syszygium_meyerii</i>		[624]
<i>PPF975770.1: Syszygium_syzygioides</i>		[624]
<i>NDQ088606.1: Syszygium_sandwicense</i>		[624]
<i>PPF145305.1: Syszygium_cinereum</i>		[624]
<i>NCN_084380.1: Syszygium_alatum</i>		[624]
<i>NAF368221.2: Syszygium_australe</i>		[624]
<i>NDQ088605.1: Syszygium_samarangense</i>		[624]
<i>NCN752365.1: Syszygium_alatum</i>		[624]
<i>NRK530683.1: Decaspermum_parciflorum</i>		[624]
<i>NAF521534.1: Decaspermum_humile</i>		[624]
<i>NRK0894754.1: Decaspermum_humile</i>		[624]
<i>NRK510961.1: Decaspermum_gracilentum</i>		[624]
<i>PPF623867.1: Xanthostemon_youngii</i>		[624]
<i>NRK065331.1: Xanthostemon_chrysanthus</i>		[624]
<i>GSU135087.1: Psidium_guajava</i>		[624]
<i>NSyszygium_sp._(VB.153)</i>	AAT TAT TCC TCT GAT TGG ATC ATT GTC TAA AGC GAA TTT TTT TAA CAC ATT AGG GCA TCC CAT TAG TAA ACC GAC CGG	[702]
<i>NSyszygium_sp._(VC.122)</i>		[702]
<i>NCN_084389.1: Syszygium_pachycladum</i>		[702]
<i>PPF893287.1: Syszygium_grande</i>		[702]
<i>NCN_082027.1: Syszygium_megacarpum</i>		[702]
<i>NCN_084392.1: Syszygium_meyerii</i>		[702]
<i>PPF975770.1: Syszygium_syzygioides</i>		[702]
<i>NDQ088606.1: Syszygium_sandwicense</i>		[702]
<i>PPF145305.1: Syszygium_cinereum</i>		[702]
<i>NCN_084380.1: Syszygium_alatum</i>		[702]
<i>NAF368221.2: Syszygium_australe</i>		[702]
<i>NDQ088605.1: Syszygium_samarangense</i>		[702]
<i>NCN752365.1: Syszygium_alatum</i>		[702]
<i>NRK530683.1: Decaspermum_parciflorum</i>		[702]
<i>NAF521534.1: Decaspermum_humile</i>		[702]
<i>NRK0894754.1: Decaspermum_humile</i>		[702]
<i>NRK510961.1: Decaspermum_gracilentum</i>		[702]
<i>PPF623867.1: Xanthostemon_youngii</i>		[702]
<i>NRK065331.1: Xanthostemon_chrysanthus</i>		[702]
<i>GSU135087.1: Psidium_guajava</i>		[702]
<i>NSyszygium_sp._(VB.153)</i>	GGC TAA TTC ATC AGA TCT TGA TAT TAT CGA CCG TTT TTT GCG TAT ATG CAG AAA TCT TCT TCA TT- ATC ACA GTG GAT	[780]
<i>NSyszygium_sp._(VC.122)</i>		[780]
<i>NCN_084389.1: Syszygium_pachycladum</i>		[780]
<i>PPF893287.1: Syszygium_grande</i>		[780]
<i>NCN_082027.1: Syszygium_megacarpum</i>		[780]
<i>NCN_084392.1: Syszygium_meyerii</i>		[780]
<i>PPF975770.1: Syszygium_syzygioides</i>		[780]
<i>NDQ088606.1: Syszygium_sandwicense</i>		[780]
<i>PPF145305.1: Syszygium_cinereum</i>		[780]
<i>NCN_084380.1: Syszygium_alatum</i>		[780]
<i>NAF368221.2: Syszygium_australe</i>		[780]
<i>NDQ088605.1: Syszygium_samarangense</i>		[780]
<i>NCN752365.1: Syszygium_alatum</i>		[780]
<i>NRK530683.1: Decaspermum_parciflorum</i>		[780]
<i>NAF521534.1: Decaspermum_humile</i>		[780]
<i>NRK0894754.1: Decaspermum_humile</i>		[780]
<i>NRK510961.1: Decaspermum_gracilentum</i>		[780]
<i>PPF623867.1: Xanthostemon_youngii</i>		[780]
<i>NRK065331.1: Xanthostemon_chrysanthus</i>		[780]
<i>GSU135087.1: Psidium_guajava</i>		[780]

```

#Syzgium.sp._ (VB.153) CCT CAA AAA AAA AGA GTT TAT ATC GAG TAA AAT ATA TAC TTC GAC TTT CTT GTG TTA AAA CTT TGG CTC GTA AA [854]
#Syzgium.sp._ (VC.122) .....A..... [854]
#NC_084389.1: Syzgium pachycladum ..... [854]
#PF093287.1: Syzgium grande ..... [854]
#NC_082027.1: Syzgium megarcarpum ..... [854]
#NC_084392.1: Syzgium seyeri ..... [854]
#PF0975770.1: Syzgium syzygioides ..... [854]
#DQ088606.1: Syzgium sandwicense ..... [854]
#PF145305.1: Syzgium cinereum ..... [854]
#NC_084380.1: Syzgium alatum ..... [854]
#AF368221.2: Syzgium australe ..... [854]
#DQ088605.1: Syzgium samarangense ..... [854]
#XM752365.1: Syzgium alatum ..... [854]
#KX530683.1: Decaspermum parviflorum ..... [854]
#AY521534.1: Decaspermum humile ..... [854]
#KX094754.1: Decaspermum humile ..... [854]
#KJ510961.1: Decaspermum gracilentum ..... [854]
#PF633867.1: Xanthostemon youngii ..... [854]
#XM05531.1: Xanthostemon chrysanthus .....A..... [854]
#GU135087.1: Psidium guajava ..... [854]

```

Lampiran 8. Hasil *Alignment* Sekuen ITS

```

#Syzgium.sp._ (VB.153) GCGAGAAGTC CACTGAACCT TATCATTTAG AGGAAGGAGA AGTCTGTACA AGGTTTCCGT AGGTGAACCT GC----GGAA [ 80]
#Syzgium.sp._ (VC.122) ..... [ 80]
#OM218686.1: Syzgium alatum ..... [ 80]
#KX315991.1: Syzgium jambos .....T.A..... [ 80]
#OR644132.1: Syzgium aqueum ..... [ 80]
#AM234135.1: Syzgium jambos ..... [ 80]
#OR897499.1: Syzgium samarangense .....T.A..... [ 80]
#OR644618.1: Syzgium aqueum ..... [ 80]
#KX315990.1: Syzgium samarangense .....T.A..... [ 80]
#OR644616.1: Syzgium samarangense ..... [ 80]
#JN091244.1: Myrcia subverticillaris ..... [ 80]
#FJ972835.1: Syzgium longipes .....T.A..... [ 80]
#XM064931.1: Syzgium australe ..... [ 80]
#XM064993.1: Syzgium paniculatum ..... [ 80]
#JN091224.1: Myrcia guianensis ..... [ 80]
#KJ187639.1: Eugenia pyramidalis ..... [ 80]
#JN091249.1: Myrcia vestita ..... [ 80]
#JN091234.1: Myrcia pubescens ..... [ 80]
#JN091239.1: Myrcia rufipes ..... [ 80]
#JN091241.1: Myrcia spectabilis ..... [ 80]
#KJ187626.1: Eugenia neoglomerata ..... [ 80]
#KJ187633.1: Eugenia patens ..... [ 80]
#KJ187605.1: Eugenia arensa ..... [ 80]
#NM0954030.1: Decaspermum vitis .....CGGAA.G [ 80]
#NM0954188.1: Decaspermum parviflorum ..... [ 80]
#NM0954229.1: Decaspermum parviflorum ..... [ 80]
#NM0954029.1: Decaspermum fruticosum ..... [ 80]
#AM234128.1: Decaspermum humile ..... [ 80]
#XM065016.1: Xanthostemon chrysanthus ..... [ 80]
#OM218696.1: Xanthostemon aurantiacus ..... [ 80]
#XM065042.1: Xanthostemon chrysanthus ..... [ 80]
#XM064784.1: Xanthostemon chrysanthus ..... [ 80]
#AY467283.1: Psidium guajava ..... [ 80]

```

```

#Syzgium_sp._(VB.153)          GGATCATTST CGAATCCTCT  CTACGAGAAT GACCAGAGAA CCASTACAA  ACTTAACGGG G-ACGGCGGG CCTCGC---- [160]
#Syzgium_sp._(VC.122)          .....A.....TC..G.....T...-G..T...AT...T---C [160]
#OM218686.1: Syzgium alatut     .....T...-G..T...T...T---C [160]
#K0815991.1 Syzgium jambos      .....T...T...T---C [160]
#OR644132.1: Syzgium aqueum     .....T..G.....T...T---C [160]
#AM234135.1 Syzgium jambos     .....T...T...T---C [160]
#OP997499.1 Syzgium samarangense .....T...T...T---C [160]
#OR644618.1 Syzgium aqueum     .....G.....T...T---C [160]
#K0815990.1 Syzgium samarangense .....T...T...T---C [160]
#OR644616.1: Syzgium samarangense .....T...T...T---C [160]
#JN091244.1: Myrcia subverticillaris .....TC.....TC.....T...TT.TTT---C [160]
#F0972835.1: Syzgium longipes   .....TC.....T...T---C [160]
#K0M64931.1: Syzgium australe   .....TC.....T...T---C [160]
#K0M64993.1: Syzgium paniculatum .....T...T...T---C [160]
#JN091224.1: Myrcia guianensis  .....TC.....G.....T...TT.TTT---C [160]
#KJ187639.1 Eugenia pyriformis   .....TC.....G.....T...TT..TT---C [160]
#JN091249.1: Myrcia vestita     .....TC.....G.....T...T.TTT---C [160]
#JN091234.1: Myrcia pubescens   .....TC.....G.....T...T.TTT---C [160]
#JN091239.1: Myrcia rufipes     .....TC.....T...T.TTT---C [160]
#JN091241.1: Myrcia spectabilis .....A.....TC.....G.....T...TT.TAT---C [160]
#KJ187626.1: Eugenia neoglomerata .....TC.....G.....T...TT.TTTT---C [160]
#KJ187633.1: Eugenia patens     .....TC.....G.....T...TT.TTTT---C [160]
#KJ187605.1: Eugenia arensa     .....TC.....G.....T...TT.TTTT---C [160]
#MF954030.1 Decaspermum vitis    .....A.....TC.....G.....T...AT.T.T---C [160]
#MM654188.1 Decaspermum parviflorum .....A.....TCT.G.A..AC..G...-G..T...AT.T.T--- [160]
#MM654229.1 Decaspermum parviflorum .....AG.....TGTGG.....CT...G...-GG.ATT.T..TCT?--- [160]
#MF954029.1 Decaspermum fruticosum .....A.....TC.....T...-G..T...AT.T.T---C [160]
#AM234128.1 Decaspermum humile   .....G.....G.....G.T...AT.TTT---C [160]
#K0M65016.1 Xanthostemon chrysanthus .....G.....G.....G.T...TCTC.GC-C [160]
#OM218696.1 Xanthostemon aurantiacus .....C.....G.....G.....G.T...TCTC.GC-C [160]
#K0M65042.1 Xanthostemon chrysanthus .....A.....C.....G.....G.....G.T...TCTT.GC-C [160]
#K0M64784.1 Xanthostemon chrysanthus .....C.....G.....G.....G.T...TCTT.GC-C [160]
#AY487283.1 Psidium guajava     .....T.....A.....TC..G..G.....T...-G.AT...T..TCTTTTC [160]

#Syzgium_sp._(VB.153)          CCAACGTCTC CAGACGCTTG G-ATGGCAGC GGTGCTACG GGTGCTCGGG CTTCT-CTCG GCGGCACAAC GAACCCCGGC [240]
#Syzgium_sp._(VC.122)          T..T..C.C TC...TCG..G.C.....A.C.....T...A.....T...T... [240]
#OM218686.1: Syzgium alatut     .....CT.....T...A.....T...T... [240]
#K0815991.1 Syzgium jambos      .....C.....C.....T...T... [240]
#OR644132.1: Syzgium aqueum     .....C.....C.....S.....R..... [240]
#AM234135.1 Syzgium jambos      .....Y.....CK.....T...T... [240]
#OP997499.1 Syzgium samarangense .....T...T...T...T... [240]
#OR644618.1 Syzgium aqueum     .....C.....T.T.T...T... [240]
#K0815990.1 Syzgium samarangense .....C.....T.T.T...T... [240]
#OR644616.1: Syzgium samarangense .....CK.....T.T...T... [240]
#JN091244.1: Myrcia subverticillaris .....T..C.C TC.....C.....A.C.....T...T... [240]
#F0972835.1: Syzgium longipes   .....T.....T...C.....T.T...T... [240]
#K0M64931.1: Syzgium australe   .....C.....C.....T...T... [240]
#K0M64993.1: Syzgium paniculatum .....C.....C.....T...T... [240]
#JN091224.1: Myrcia guianensis  .....T.C.C TC.....C.....C.....A.....T...T... [240]
#KJ187639.1 Eugenia pyriformis   .....T..G.C TC.....C.....C.....A.....T...T... [240]
#JN091249.1: Myrcia vestita     .....T...C TC.....C.....C.....A.....T...T... [240]
#JN091234.1: Myrcia pubescens   .....T...C TC.....C.....A.....T...T... [240]
#JN091239.1: Myrcia rufipes     .....T...C TC.....C.....A.....T...T... [240]
#JN091241.1: Myrcia spectabilis .....T.A..CT .....C.....A.....T...T... [240]
#KJ187626.1: Eugenia neoglomerata .....T..G.C TC.....C.....C.....T...T... [240]
#KJ187633.1: Eugenia patens     .....C..G.C TC.....A.....C.....T...T... [240]
#KJ187605.1: Eugenia arensa     .....C..G.C TC.....A.....C.....T...T... [240]
#MF954030.1 Decaspermum vitis    .....T..T..C TC...TCG..G.C.....T...A.....T...T... [240]
#MM654188.1 Decaspermum parviflorum .....T..T..C TC...TGG..-C.....C.....?..T...T...A.....T... [240]
#MM654229.1 Decaspermum parviflorum .....T..T..C TC...TGG..-C.....C.....?..T...T...A.....T... [240]
#MF954029.1 Decaspermum fruticosum .....T..T..C TC...TCG..G.C.....C.....A.....T...T... [240]
#AM234128.1 Decaspermum humile   .....T..T..C TC...TCG..G.C.....C.....TC---CM..... [240]
#K0M65016.1 Xanthostemon chrysanthus .....G.....C TC.....T..G.....C.....C.....TC---CM..... [240]
#OM218696.1 Xanthostemon aurantiacus .....G.....C TC.....T..G.....C.....C.....TC---CG..... [240]
#K0M65042.1 Xanthostemon chrysanthus .....G.....C TC.....T..G.....C.....C.....TC---CA..... [240]
#K0M64784.1 Xanthostemon chrysanthus .....C.....C.....T..G.....C.....C.....TC---CA..... [240]
#AY487283.1 Psidium guajava     .....T...C TC.....CA.....CC.....G.....CACT...GCAT... [240]

```

#Syzgium.sp._ (VB.153)	CGGGAATCG CAAAGGAAC TTAAC-AAGA GAGCGATGCT CCCGTCGCC C-AGACATGG TGGCTGTGG GGGATGCCATG	[320]
#Syzgium.sp._ (VC.122)	C.....G...A...	[320]
#OM218686.1: Syzgium alatium	-.....-.....-.....C.....	[320]
#KC815991.1: Syzgium jambos	C.....-.....C.....	[320]
#OR644132.1: Syzgium aqueum	-.....C.....-G...C... ..Y...Y...	[320]
#AM234135.1: Syzgium jambos	-.....C.....-?.....C.....	[320]
#OF897499.1: Syzgium samarangense	K...-.....Y.C...	[320]
#OR644618.1: Syzgium aqueum	G...-.....T.C...	[320]
#KC815990.1: Syzgium samarangense	-.....C.....-.....C.....	[320]
#OR644616.1: Syzgium samarangense	K...-.....Y.C...	[320]
#JM091244.1: Myrcia subverticillaris	G...-.....A.A...	[320]
#F0972835.1: Syzgium longipes	-.....-.....-.....	[320]
#KM064931.1: Syzgium australe	-.....C.....-.....	[320]
#KM064993.1: Syzgium paniculatum	-.....C.....-.....	[320]
#JM091224.1: Myrcia guianensis	G...-.....A.A...	[320]
#KU187639.1: Eugenia pyriformis	CG...-.....A.A...	[320]
#JM091249.1: Myrcia vestita	G...-.....A.A...	[320]
#JM091234.1: Myrcia pubescens	G...-.....A.A...	[320]
#JM091239.1: Myrcia rufipes	G...-.....A.A... ..?	[320]
#JM091241.1: Myrcia spectabilis	G...-.....A.A... ..C.....	[320]
#KU187626.1: Eugenia neoglomerata	CG...-.....C.....-.....A.A... ..C.T...C.T...C.	[320]
#KU187633.1: Eugenia patens	CG...-.....C.....-.....A.....	[320]
#KU187605.1: Eugenia arensa	CG...-.....A.....-.....A.....	[320]
#MF954030.1: Decaspermum vitis	C.....G...A...	[320]
#MM854188.1: Decaspermum parviflorum	C.....G...-.....A.....-.....C.....	[320]
#MM854229.1: Decaspermum parviflorum	C.....G...-.....A.A...	[320]
#MF954029.1: Decaspermum fruticosum	C.....G...-.....A.A...	[320]
#AM234128.1: Decaspermum humile	C.....C...G...A... ..T... ..AC... ..CCC.T... ..C.	[320]
#KM065016.1: Xanthostemon chrysanthus	C.....C...G...A... ..T... ..AC... ..C...C... ..C.	[320]
#OM218696.1: Xanthostemon aurantiacus	C.....CG...G... ..T... ..AC... ..-.....C... ..C... ..C.	[320]
#KM065042.1: Xanthostemon chrysanthus	C.....C...G...A... ..T... ..AC... ..-.....CCC.T... ..C.	[320]
#KM064784.1: Xanthostemon chrysanthus	C.....C...G...R... ..T... ..AC... ..-.....CCC.T... ..C.	[320]
#AY487283.1: Psidium guajava	G...	[320]
#Syzgium.sp._ (VB.153)	CAATCTCTTA TT-ATTGATA AGACTCTCG GCAACGGATA TCTCGGCTT CGCATCGATG AAGAAGCTAG CGAAGCTGGA	[400]
#Syzgium.sp._ (VC.122)	G...	[400]
#OM218686.1: Syzgium alatium	A...	[400]
#KC815991.1: Syzgium jambos	C...	[400]
#OR644132.1: Syzgium aqueum	G...	[400]
#AM234135.1: Syzgium jambos	-.....	[400]
#OF897499.1: Syzgium samarangense	R...	[400]
#OR644618.1: Syzgium aqueum	-.....	[400]
#KC815990.1: Syzgium samarangense	-.....	[400]
#OR644616.1: Syzgium samarangense	-.....	[400]
#JM091244.1: Myrcia subverticillaris	-.....	[400]
#F0972835.1: Syzgium longipes	-G...	[400]
#KM064931.1: Syzgium australe	-.....	[400]
#KM064993.1: Syzgium paniculatum	-.....	[400]
#JM091224.1: Myrcia guianensis	-.....	[400]
#KU187639.1: Eugenia pyriformis	G... ..C.A.T...	[400]
#JM091249.1: Myrcia vestita	-.....	[400]
#JM091234.1: Myrcia pubescens	-.....	[400]
#JM091239.1: Myrcia rufipes	-.....?	[400]
#JM091241.1: Myrcia spectabilis	-.....	[400]
#KU187626.1: Eugenia neoglomerata	G... ..T.A.T... ..C.	[400]
#KU187633.1: Eugenia patens	G... ..T.A.T... ..	[400]
#KU187605.1: Eugenia arensa	G... ..T.A.T... ..	[400]
#MF954030.1: Decaspermum vitis	G... ..C... ..	[400]
#MM854188.1: Decaspermum parviflorum	G... ..C... ..	[400]
#MM854229.1: Decaspermum parviflorum	G... ..C... ..	[400]
#MF954029.1: Decaspermum fruticosum	G... ..C... ..	[400]
#AM234128.1: Decaspermum humile	G... ..C... ..	[400]
#KM065016.1: Xanthostemon chrysanthus	G... ..C... ..	[400]
#OM218696.1: Xanthostemon aurantiacus	C... ..C... ..	[400]
#KM065042.1: Xanthostemon chrysanthus	G... ..C... ..	[400]
#KM064784.1: Xanthostemon chrysanthus	G... ..C... ..	[400]
#AY487283.1: Psidium guajava	C... ..A... ..	[400]

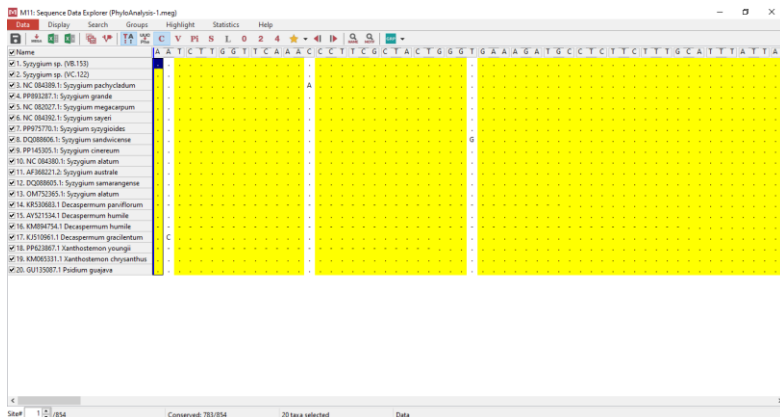
#Syzgium.sp._ (VC.122)						GC.A...	...C.....	[480]
#OM218686.1: Syzgium alatum							...CC.....	[480]
#KC815991.1 Syzgium jambos							...A...C.....	[480]
#OR644132.1: Syzgium aqueum							...A...C.....	[480]
#AM234135.1 Syzgium jambos							...A...C.....	[480]
#OR897499.1 Syzgium samarangense							...A...C...C.T.....	[480]
#OR644618.1 Syzgium aqueum							...A...C...C.T.....	[480]
#KC815990.1 Syzgium samarangense							...A...C...C.T.....	[480]
#OR644616.1: Syzgium samarangense							...A...C...C.T.....	[480]
#JN091244.1: Myrcia subverticillaris						GC.A..T	...AC.....	[480]
#FJ972835.1: Syzgium longipes							...A...C.....	[480]
#KFM64931.1: Syzgium australe							...A...C.....	[480]
#KFM64993.1: Syzgium paniculatum							...A...C.....	[480]
#JN091224.1: Myrcia guianensis						GC.A..T	...AC.....	[480]
#KJ187639.1 Eugenia pyriformis						TC.A..T	...AC.....	[480]
#JN091249.1:1 Myrcia vestita						GC.A..T	...AC.....	[480]
#JN091234.1: Myrcia pubescens						GC.A..T	...AC.....	[480]
#JN091239.1: Myrcia rufipes						TC.A..T	...AC.....	[480]
#JN091241.1: Myrcia spectabilis						GC.A..T	...AC.....	[480]
#KJ187626.1: Eugenia neoglomerata						TC.A..T	...AC.....	[480]
#KJ187633.1: Eugenia patens						GC.A..T	...C.....	[480]
#KJ187605.1: Eugenia arenoea						GC.A..T	...C.....	[480]
#MP954030.1 Decaspermum vitis						GC.A..T	...C.....	[480]
#MM854188.1 Decaspermum parviflorum						ACA--T	...C.....	[480]
#MM854229.1 Decaspermum parviflorum						ACA--T	...C.....	[480]
#MP954029.1 Decaspermum fruticosum						GC.A..T	...C.....	[480]
#AM234128.1 Decaspermum humile						GC.A..T	...C.....	[480]
#KFM65016.1 Xanthostemon chrysanthus						GC.A..T	...C.....	[480]
#OM218696.1 Xanthostemon aurantiacus						GC.A..T	...C.....	[480]
#KFM65042.1 Xanthostemon chrysanthus						GC.A..T	...C.....	[480]
#KFM64784.1 Xanthostemon chrysanthus						GC.A..T	...C.....	[480]
#AY487283.1 Psidium guajava						GC.A..T	...CC.....	[480]
#Syzgium.sp._ (VB.153)	ACGTTTGCC	GGGTGTAC	CATGGCGTTG	CCCC-TAAC	CCTC-GCCTT	GAATT--GGG	CGGGCGGGAC TTGGGTGCGT	[560]
#Syzgium.sp._ (VC.122)							...A...A...T...C...A...A...	[560]
#OM218686.1: Syzgium alatum							...T.A...A...C...C...A...	[560]
#KC815991.1 Syzgium jambos							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#OR644132.1: Syzgium aqueum							...R...A...A...C...C...A...	[560]
#AM234135.1 Syzgium jambos							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#OR897499.1 Syzgium samarangense							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#OR644618.1 Syzgium aqueum							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KC815990.1 Syzgium samarangense							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#OR644616.1: Syzgium samarangense							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091244.1: Myrcia subverticillaris							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#FJ972835.1: Syzgium longipes							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KFM64931.1: Syzgium australe							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KFM64993.1: Syzgium paniculatum							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091224.1: Myrcia guianensis							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KJ187639.1 Eugenia pyriformis							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091249.1:1 Myrcia vestita							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091234.1: Myrcia pubescens							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091239.1: Myrcia rufipes							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#JN091241.1: Myrcia spectabilis							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KJ187626.1: Eugenia neoglomerata							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KJ187633.1: Eugenia patens							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KJ187605.1: Eugenia arenoea							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#MP954030.1 Decaspermum vitis							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#MM854188.1 Decaspermum parviflorum							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#MM854229.1 Decaspermum parviflorum							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#MP954029.1 Decaspermum fruticosum							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#AM234128.1 Decaspermum humile							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KFM65016.1 Xanthostemon chrysanthus							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#OM218696.1 Xanthostemon aurantiacus							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KFM65042.1 Xanthostemon chrysanthus							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#KFM64784.1 Xanthostemon chrysanthus							...A...A...A...C...C...A...	[560]
#AY487283.1 Psidium guajava							...A...A...A...C...C...A...	[560]


```

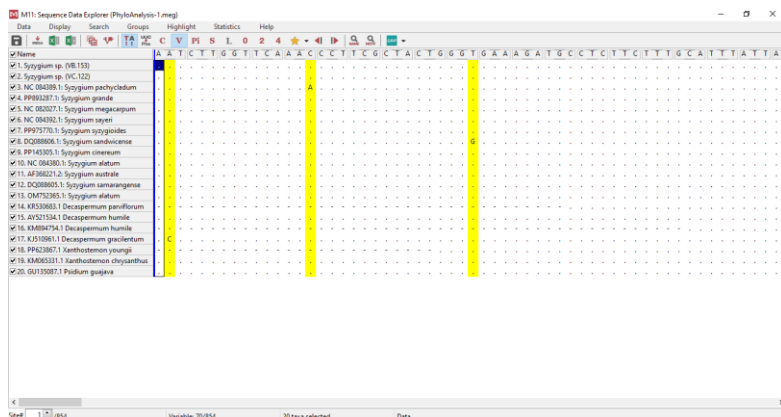
#Syzgium_sp._(VB.153)          GCGACCCGAG GTCAAGCGGG GCTACCCGCT GAGTTTAAGC ATATCGAAAA GAAAC [775]
#Syzgium_sp._(VC.122)          ..... [775]
#CM218686.1: Syzgium_alatum    ..... [775]
#KC815991.1 Syzgium_jambos     ..... [775]
#OR644132.1: Syzgium_aqueum    .....G.. [775]
#AM234135.1 Syzgium_jambos     ..... [775]
#OR979499.1 Syzgium_samarangense ..... [775]
#OR644618.1 Syzgium_aqueum     ..... [775]
#KC815990.1 Syzgium_samarangense ..... [775]
#OR644616.1: Syzgium_samarangense ..... AG..A [775]
#JMN091244.1: Myrcia_subverticillaris ..... [775]
#FQ972835.1: Syzgium_longipes ..... [775]
#KM064931.1: Syzgium_australe ..... [775]
#KM064993.1: Syzgium_paniculatum ..... [775]
#JMN091224.1: Myrcia_gulianensis ..... [775]
#KJ187639.1 Eugenia_pyriformis ..... [775]
#JMN091249.1: Myrcia_vestita ..... [775]
#JMN091234.1: Myrcia_pubescens ..... [775]
#JMN091239.1: Myrcia_rufipes ..... [775]
#JMN091241.1: Myrcia_spectabilis ..... [775]
#KJ187626.1: Eugenia_neoelomerata ..... [775]
#KJ187633.1: Eugenia_patens ..... [775]
#KJ187605.1: Eugenia_arenosa ..... [775]
#HMP954030.1 Decaspermum_vitis ..... [775]
#HMA854188.1 Decaspermum_parviflorum .....? ..... [775]
#HMA854229.1 Decaspermum_parviflorum .....? ..... [775]
#HMP954029.1 Decaspermum_fruticosum ..... [775]
#AM234128.1 Decaspermum_humile ..... [775]
#KM065016.1 Xanthostemon_chrysanthus ..... [775]
#CM218696.1 Xanthostemon_aurantiacus .....A. .... [775]
#KM065042.1 Xanthostemon_chrysanthus .....A. .... [775]
#KM064784.1 Xanthostemon_chrysanthus .....A. .... [775]
#AX478283.1 Psidium_guajava ..... [775]

```

Lampiran 9. Situs *Conserve Hasil Alignment* 33 Sekuen *Myrtaceae Region matK*



Lampiran 10. Situs *Variable* Hasil *Alignment* 33 Sekuen *Myrtaceae Region matK*



Lampiran 11. Situs *Conserve* Hasil *Alignment* 20 Sekuen *Myrtaceae Region ITS*

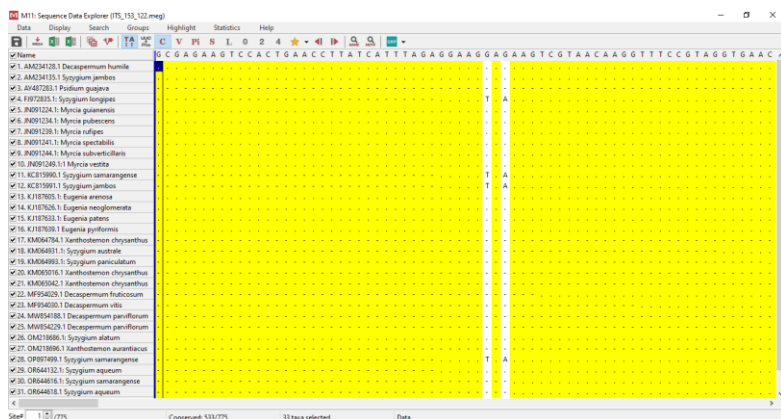




Table. Maximum Likelihood fits of the different nucleotide substitution models																						
Model	Parameters	BIC	dA/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c	dG/c	dT/c			
T92	39	3670.649	3370.100	-1645.955	n/a	n/a	0.92	0.333	0.333	0.167	0.167	0.082	0.041	0.085	0.082	0.085	0.041	0.082	0.169	0.041	0.169	0.082
T92+G	40	3680.079	3371.825	-1645.813	n/a	n/a	0.92	0.333	0.333	0.167	0.167	0.082	0.041	0.085	0.082	0.085	0.041	0.082	0.169	0.041	0.169	0.082
T92+G	40	3680.151	3371.825	-1645.813	n/a	200.0	0.90	0.333	0.333	0.167	0.167	0.083	0.041	0.084	0.083	0.084	0.041	0.083	0.168	0.041	0.168	0.083
HKY	41	3684.041	3366.089	-1642.940	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.077	0.042	0.092	0.038	0.074	0.185	0.038	0.152	0.091
T92+G+I	41	3689.816	3371.864	-1645.826	n/a	200.0	0.92	0.333	0.333	0.167	0.167	0.082	0.041	0.085	0.082	0.085	0.041	0.082	0.169	0.041	0.169	0.082
GTR	45	3691.863	3345.100	-1627.429	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.079	0.086	0.077	0.052	0.140	0.155	0.052	0.157	0.090
TN93	42	3693.105	3369.455	-1642.617	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.090	0.045	0.086	0.074	0.084	0.037	0.074	0.168	0.037	0.170	0.090
HKY+I	43	3693.468	3369.455	-1642.796	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.077	0.042	0.092	0.038	0.074	0.185	0.038	0.152	0.091
HKY+G	42	3693.549	3369.455	-1642.628	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.092	0.046	0.076	0.075	0.091	0.038	0.075	0.162	0.038	0.150	0.092
GTR+I	46	3701.572	3347.716	-1627.436	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.090	0.045	0.079	0.075	0.091	0.032	0.040	0.155	0.052	0.157	0.092
GTR+G	46	3702.240	3347.716	-1627.762	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.079	0.075	0.091	0.032	0.040	0.155	0.052	0.157	0.090
TN93+G	43	3702.870	3371.517	-1642.644	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.090	0.045	0.086	0.074	0.084	0.037	0.074	0.168	0.037	0.170	0.090
TN93+G	43	3702.658	3371.605	-1642.687	n/a	n/a	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.086	0.075	0.079	0.039	0.075	0.160	0.039	0.175	0.091
TN93+G	43	3703.181	3371.828	-1642.796	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.091	0.045	0.077	0.074	0.092	0.038	0.074	0.185	0.038	0.152	0.091
GTR+G+I	47	3712.237	3359.083	-1627.904	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.090	0.045	0.079	0.075	0.091	0.032	0.040	0.155	0.052	0.157	0.092
TN93+G+I	44	3712.814	3373.760	-1642.700	n/a	200.0	0.90	0.300	0.366	0.182	0.152	0.090	0.045	0.086	0.074	0.084	0.037	0.074	0.168	0.037	0.170	0.090
K2	37	3759.545	3474.400	-1700.114	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC	32	3762.998	3470.151	-1696.998	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.065	0.065	0.120	0.065	0.120	0.065	0.065	0.120	0.065	0.120	0.065
JC+I	38	3769.288	3476.441	-1700.132	n/a	n/a	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
JC+G	38	3769.337	3476.490	-1700.155	n/a	6.40	0.50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083

Lampiran 14. Pencarian Parameter Sekuen ITS

MEGA Capitan Experts Find Best-fit Substitution Model (ML)

File Edit View Help

Results

Table. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models

Model	Parameters	BIC	AICc	nL	(+G)	R	(A)	(T)	(C)	(G)	(AT)	(AC)	(AG)	(TA)	(TC)	(TG)	(CA)	(CT)	(CG)	(GA)	(GT)	(G)	
TN93+G	69	7275.547	6720.770	-3291.175	n/a	0.43	2.42	0.227	0.207	0.284	0.282	0.030	0.041	0.118	0.033	0.289	0.041	0.033	0.211	0.041	0.095	0.030	0.0
T92+G	66	7276.513	6745.840	-3306.728	n/a	0.39	2.41	0.217	0.217	0.283	0.283	0.031	0.041	0.201	0.031	0.201	0.041	0.031	0.154	0.041	0.154	0.031	0.0
K2+G+I	66	7277.421	6746.747	-3307.181	0.22	0.63	2.42	0.250	0.250	0.250	0.250	0.037	0.037	0.177	0.037	0.177	0.037	0.037	0.177	0.037	0.177	0.037	0.0
K2+G	65	7278.954	6756.316	-3312.971	n/a	0.38	2.42	0.250	0.250	0.250	0.250	0.037	0.037	0.177	0.037	0.177	0.037	0.037	0.177	0.037	0.177	0.037	0.0
TN93+G+I	70	7286.618	6723.807	-3291.087	0.13	0.57	2.42	0.227	0.207	0.284	0.282	0.030	0.041	0.118	0.033	0.289	0.040	0.033	0.211	0.040	0.095	0.030	0.0
T92+G+I	67	7287.502	6748.794	-3307.199	0.21	0.64	2.42	0.217	0.217	0.283	0.283	0.031	0.041	0.201	0.031	0.201	0.041	0.031	0.154	0.041	0.154	0.031	0.0
GTR+G	72	7290.894	6712.016	-3283.779	n/a	0.44	2.43	0.227	0.207	0.284	0.282	0.046	0.040	0.117	0.050	0.287	0.048	0.032	0.210	0.020	0.094	0.036	0.0
HKY+G	68	7298.149	6751.406	-3307.499	n/a	0.39	2.42	0.227	0.207	0.284	0.282	0.030	0.041	0.201	0.033	0.202	0.041	0.033	0.147	0.041	0.161	0.030	0.0
GTR+G+I	73	7301.944	6715.031	-3284.281	0.13	0.58	2.43	0.227	0.207	0.284	0.282	0.046	0.040	0.117	0.050	0.287	0.048	0.032	0.210	0.020	0.094	0.035	0.0
HKY+G+I	69	7306.135	6754.358	-3307.969	0.23	0.66	2.43	0.227	0.207	0.284	0.282	0.030	0.041	0.201	0.033	0.202	0.041	0.033	0.148	0.041	0.161	0.030	0.0
TN93+I	69	7321.353	6766.576	-3314.078	0.35	n/a	2.37	0.227	0.207	0.284	0.282	0.030	0.041	0.115	0.033	0.290	0.041	0.033	0.212	0.041	0.092	0.030	0.0
T92+I	66	7332.223	6801.550	-3334.583	0.35	n/a	2.34	0.217	0.217	0.283	0.283	0.032	0.042	0.199	0.032	0.199	0.042	0.032	0.153	0.042	0.153	0.032	0.0
K2+I	65	7337.202	6814.564	-3342.095	0.35	n/a	2.33	0.250	0.250	0.250	0.250	0.037	0.037	0.175	0.037	0.175	0.037	0.037	0.175	0.037	0.175	0.037	0.0
GTR+I	72	7341.239	6762.360	-3308.951	0.35	n/a	2.06	0.227	0.207	0.284	0.282	0.047	0.039	0.116	0.052	0.268	0.050	0.031	0.196	0.035	0.093	0.036	0.0
HKY+I	68	7353.798	6807.056	-3335.324	0.35	n/a	2.35	0.227	0.207	0.284	0.282	0.031	0.042	0.199	0.033	0.200	0.042	0.033	0.146	0.042	0.160	0.031	0.0
TN93	68	7415.701	6868.958	-3366.275	n/a	n/a	2.30	0.227	0.207	0.284	0.282	0.031	0.042	0.117	0.034	0.284	0.042	0.034	0.207	0.042	0.094	0.031	0.0
GTR	71	7430.111	6859.266	-3358.411	n/a	n/a	2.30	0.227	0.207	0.284	0.282	0.047	0.039	0.116	0.052	0.281	0.052	0.031	0.205	0.023	0.093	0.038	0.0
T92	65	7431.632	6908.994	-3389.310	n/a	n/a	2.29	0.217	0.217	0.283	0.283	0.033	0.043	0.198	0.033	0.198	0.043	0.033	0.152	0.043	0.152	0.033	0.0
K2	64	7438.277	6923.674	-3397.656	n/a	n/a	2.28	0.250	0.250	0.250	0.250	0.038	0.038	0.174	0.038	0.174	0.038	0.038	0.174	0.038	0.174	0.038	0.0
HKY	67	7453.360	6914.652	-3390.128	n/a	n/a	2.29	0.227	0.207	0.284	0.282	0.031	0.043	0.197	0.034	0.198	0.042	0.034	0.145	0.042	0.159	0.031	0.0

Lampiran 15. Hasil Skoring Morfologi

Species	Karakter										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
<i>Syzygium_sp_VB153</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	1	1	2
<i>Syzygium_sp_VC122</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
<i>S. pallens</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. subalatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. subcorymbosum</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. polyantha</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. rosaceum</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. versteegii</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	2
<i>S. nutans</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. buettnerianum</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. roemerii</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. pycnanthum</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. cf. nemorale</i>	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>S. naiadum</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0

Lampiran 16. Dokumentasi Penelitian





DAFTAR RIWAYAT HIDUP

A. Identitas Diri

1. Nama : Irda Ayu Febriani
2. Tempat, tanggal lahir : Brebes, 9 Februari 2003
3. Alamat : BSD Serpong Kota Tangerang Selatan, Banten, Jawa Barat
4. No. *handphone* : 083871939639
5. E-mail : irdaayufebriani@gmail.com

B. Riwayat Pendidikan

1. Pendidikan Formal
 - a. TK Aisyiyah Bustanul Athfal Bumiayu
 - b. SDN Ciater 3
 - c. SMPN 11 Kota Tangerang Selatan
 - d. SMAN 12 Kota Tangerang Selatan
 - e. S1 UIN Walisongo Semarang
2. Pendidikan Nonformal
 - a. Madrasah Diniyah Muhammadiyah
 - b. TPQ Ainurrohman
 - c. TPQ Al-Madani

C. Kegiatan dan Peran Akademik

1. Asisten Laboratorium Biologi Periode 2022-2024.
2. Panitia *Walisongo Biology Competition* 2023.

3. Narasumber dalam kegiatan “Pendampingan Praktikum Siswa-Siswi MA Darul Ulum Purwogondo Jepara Materi Fotosintesis, Pengamatan Jaringan Tumbuhan dan Hewan, serta Instrumentasi Laboratorium (AAS, SEM, GC-MS, FTIR) di Laboratorium Saintek” yang dilaksanakan oleh Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang.

D. Prestasi

1. Juara 2 Lomba Cerdas Cermat (LCC) dalam kegiatan *Biology Festival 2023*.
2. Peserta Lomba *International Walisongo Science Competition 2023* dalam kategori biologi.
3. Peserta Lomba *Maliki International Biology Essay Competition 2024* dengan judul “*Ethnobotanical Study and Digitalization of Local Knowledge of Medical Plants Used by Local Communities in Darupono Village Through the Herbanusa Mobile Application*”.

E. Karya Buku

1. Bunga rampai dengan judul “SMARADHANA: Jejak Karya di Tuksari” nomor QRCBN 62-688-1595-982