

**KERAGAMAN GENETIK EDELWEIS
DI GUNUNG SUMBING MENGGUNAKAN DNA *BARCODING* DAN
UPAYA KONSERVASINYA**

SKRIPSI

Disusun Untuk Memenuhi Tugas dan Melengkapi Syarat Guna
Memperoleh Gelar Sarjana Sains dalam Ilmu Biologi



Oleh :

AHMAD JUWARSYAH

NIM 2108016083

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

SEMARANG

2024

**KERAGAMAN GENETIK EDELWEIS
DI GUNUNG SUMBING MENGGUNAKAN DNA *BARCODING* DAN
UPAYA KONSERVASINYA**

SKRIPSI

Disusun Untuk Memenuhi Tugas dan Melengkapi Syarat Guna
Memperoleh Gelar Sarjana Sains dalam Ilmu Biologi



Oleh :

AHMAD JUWARSYAH

NIM 2108016083

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

SEMARANG

2024

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertandatangan dibawah ini:

Nama : Ahmad Juwarsyah

NIM : 2108016083

Jurusan : Biologi

Menyatakan bahwa skripsi yang berjudul:

**KERAGAMAN GENETIK EDELWEIS
DI GUNUNG SUMBING MENGGUNAKAN DNA *BARCODING* DAN
UPAYA KONSERVASINYA**

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

Semarang, 24 Desember 2024

Pembuat Pernyataan,



Ahmad Juwarsyah
NIM : 2108016083



KEMENTERIAN AGAMA REPUBLIK INDONESIA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
Jl. Prof. Dr. Hamka Ngaliyan Semarang
Telp.024-7601295 Fax.7615387

PENGESAHAN

Naskah skripsi berikut ini:

Judul : Keragaman Genetik Edelweis di Gunung Sumbing
Menggunakan DNA *Barcoding* dan Upaya
Konservasinya

Penulis : **Ahmad Juwarsyah**

NIM : 2108016083


Jurusan: Biologi

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

Semarang, Desember 2024

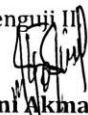
DEWAN PENGUJI

Penguji I,


Niken Kusumarini, M.Si.

NIP : 19890223 201903 2 015

Penguji II,


Hafidha Asni Akmalia, M.Sc.

NIP : 19890821 201903 2 013

Penguji III,


Dian Triastari Armanda, M.Si

NIP : 19831221 201101 2 004.

Pembimbing I,


Dian Triastari Armanda, M.Si

NIP : 19831221 201101 2 004.

Penguji IV,


Asri Febriana, M.Si.

NIP : 19890201 201903 2 015.

Pembimbing II,


Asri Febriana, M.Si.

NIP : 19890201 201903 2 015.

NOTA DINAS

Semarang, 24 Desember 2024

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 : Keragaman Genetik Edelweis Di Gunung Sumbing Menggunakan DNA *Barcoding* Dan Upaya Konservasinya

Nama : Ahmad Juwarsyah

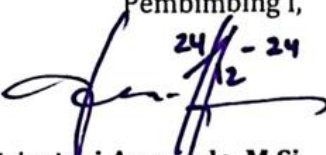
NIM : 2108016083

Jurusan : Biologi

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

Wassalamu'alaikum. wr. wb.

Pembimbing I,
24/12 - 24



Dian Triastari Armanda, M.Si
NIP : 19831221 201101 2 004

NOTA DINAS

Semarang, 24 Desember 2024

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 : Keragaman Genetik di Di Gunung
Sumbing Menggunakan DNA *Barcoding* Dan
Upaya Konservasinya

Nama : Ahmad Juwarsyah

NIM : 2108016083

Jurusan : Biologi

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

Wassalamu'alaikum. wr. wb.

Pembimbing II,



Asri Febriana, M.Si.

NIP : 19890201 201903 2 015

MOTTO

““Dunia jahat dan kau kalah? Lihatlah telapak tanganmu, ayahmu selalu menempanya agar kau tak mudah menyerah dan ibumu tak henti mamapahnya untuk kau berdo’a, bangkitlah!”

(J.S. Khairen dalam buku Dompot Ayah Sepatu Ibu)

”

لِكُلِّ اللّٰهِ جَعَلَ قَدْ اَمْرَهُ بِالْعُ اللّٰهِ اِنَّ حَسْبَهُ فَهُوَ اللّٰهِ عَلٰى يَتَوَكَّلْ وَمَنْ
قَدَّرَ شَيْءٍ

".....Dan barangsiapa bertawakkal kepada Allah, niscaya Allah akan mencukupkan keperluannya. Sesungguhnya Allah melaksanakan urusan yang (dikehendaki)Nya. Sungguh, Allah telah mengadakan ketentuan bagi setiap sesuatu." (QS. At-Talaq: 3)

ABSTRAK

Edelweis (*Anaphalis* sp.) merupakan tumbuhan langka yang dilindungi berdasarkan Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor P.20 Tahun 2018. Penelitian ini bertujuan untuk mendeskripsikan karakteristik genetik edelweis di Gunung Sumbing serta mengkaji tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat terkait konservasinya. Karakteristik genetik dianalisis menggunakan gen kloroplas *maturase-K* (*matK*) melalui metode DNA *barcoding*. Analisis molekuler melibatkan isolasi DNA, PCR, sekuensing, penjajaran urutan DNA, dan rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode UPGMA dengan model Tamura 3-parameter dan uji *bootstrap* 1000 kali pengulangan. Data tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat dikumpulkan melalui kuesioner dan dianalisis menggunakan analisis faktor eksploratoris. Hasil analisis genetik DNA *barcoding* menggunakan sekuen *matK* dan didukung dengan analisis secara morfologi, penelitian ini mengungkap bahwa edelweis yang ditemukan di Gunung Sumbing merupakan spesies *Anaphalis javanica* Sch.Bip. yang berhasil terkarakterisasi dengan panjang sekuen hasil *contig* pada sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp, kemudian hasil analisis komposisi nukleotida dari tiga sekuen DNA spesies *Anaphalis javanica*, AJ1 dan AJ2 menunjukkan distribusi yang sama yaitu T: 36,5%, C: 17,5%, A: 29,1% dan G:16,8%, sedangkan AJ3 memiliki distribusi T: 36,6%, C: 17,6%, A: 29% dan

G:16,8%. Hasil analisis faktor menunjukkan tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai status konservasi edelweis adalah tinggi. Sebanyak 38 responden yang terdiri dari masyarakat lokal dan pendaki Gunung Sumbing, menunjukkan kesadaran konservasi edelweis yang tinggi (skor 4,3/5) dan 15% pernah terlibat langsung dalam konservasi. Sebanyak 85% mengetahui status konservasi edelweis dan 40% memahami ancaman utamanya. Faktor ini menunjukkan minat masyarakat untuk berpartisipasi aktif dalam konservasi dan harapan akan peningkatan kualitas program, termasuk saran agar program lebih inklusif serta melibatkan warga lokal dalam pelatihan dan edukasi tentang edelweis.

Kata kunci: *Anaphalis javanica* Sch.Bip., Edelweis, Gunung Sumbing, Konservasi, *matK*.

ABSTRACT

Edelweis (Anaphalis sp.) is a rare plant protected by the Regulation of the Minister of Environment and Forestry Number P.20 of 2018. This study aims to describe the genetic characteristics of edelweis on Mount Sumbing and to examine public perceptions regarding its conservation. Genetic characteristics were analyzed using the chloroplast maturase-K (matK) gene through the DNA barcoding method. Molecular analysis involved DNA isolation, PCR, sequencing, DNA sequence alignment, and phylogenetic tree reconstruction using the UPGMA method with the 3-parameter Tamura model and 1000 bootstrap repetition test. Public perception data were collected through questionnaires and analyzed using exploratory factor analysis. The results of DNA barcoding genetic analysis using matK sequences and supported by morphological analysis, this study revealed that the edelweis found on Mount Sumbing is the Anaphalis javanica Sch.Bip. species which was successfully characterized with a contig sequence length in the sample of AJ1 is 851 bp, AJ2 is 851 bp and AJ3 is 849 bp, then the results of the nucleotide composition analysis of the three DNA sequences of the Anaphalis javanica Sch.Bip. species, AJ1 and AJ2 show the same distribution, namely T: 36.5%, C: 17.5%, A: 29.1% and G: 16.8%, while AJ3 has a distribution of T: 36.6%, C: 17.6%, A: 29% and G: 16.8%. The results of the factor analysis showed that the level of knowledge, perception and actions of the community regarding the conservation status of edelweis

was high, as many as 38 respondents consisting of local people and climbers of Mount Sumbing, showed high awareness of edelweis conservation (score 4.3/5), 15% had been directly involved in conservation. As many as 85% knew the conservation status of edelweis, and 40% understood its main threats. This factor shows the community's interest in actively participating in conservation and the hope for improving the quality of the program, including suggestions for the program to be more inclusive and involving local residents in training and education about edelweis.

Keywords: *Anaphalis javanica* Sch.Bip., Edelweis, Conservation, matK, Mount Sumbing.

KATA PENGANTAR

Segala puji dan rahmat kami haturkan kepada Allah SWT., yang Maha Ilmu lagi Maha Mengetahui. Yang telah memberikan segala bentuk nikmat dan karunia sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul **“Keragaman Genetik Edelweis di Gunung Sumbing Menggunakan DNA Barcoding dan Upaya Konservasinya”** dengan baik. Skripsi ini disusun guna memenuhi syarat dalam memperoleh gelar sarjana sains dalam ilmu Biologi.

Sholawat beriringan dengan salam kami curahkan kepada Nabi Agung Muhammad SAW., seorang utusan yang membimbing umat dari zaman kegelapan menuju zaman yang terang benderang. Nab akhir zaman yang selalu kita harapkan syafaatnya kelak di hari akhir. Penyusunan skripsi ini melibatkan banyak pihak di dalamnya. Arahkan, bimbingan serta dukungan dari berbagai pihak inilah yang menjadikan penulis mampu sampai pada tahap ini. Oleh karena itu dengan rasa bangga dan hormat penulis menyampaikan ungkapan rasa terima kasih 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 Dian Triastari Armanda, M.Si. selaku Dosen Pembimbing I yang senantiasa memberi arahan, masukan dan dukungan dalam proses penelitian dan penyusunan tulisan dari awal hingga akhir;
5. Ibu Asri Febriana, M.Si. selaku Dosen Pembimbing II yang juga selalu memberi arahan, masukan dan dukungan dalam proses penelitian dan penyusunan tulisan dari awal hingga akhir;
6. Ibu Noor Amalia Chusna, S.T., M.Ling. selaku dosen wali yang selalu memberi bimbingan dan arahan selama masa perkuliahan;
7. Bapak dan Ibu Dosen serta segenap *civitas* akademik UIN Walisongo Semarang yang telah banyak memberi bantuan dan dukungan kepada penulis selama masa perkuliahan;
8. Kedua orang tua saya, segenap keluarga di rumah yang selalu memberikan doa, kasih sayang dan dukungan kepada penulis;
9. Segenap Warga Desa Batursari serta rekan-rekan pendaki Gunung Sumbing yang telah bersedia membantu penulis dalam mengisi kuesioner penelitian ini;
10. Teman-teman satu angkatan, Asa, Irfan, Putra, Agista, Athiva, Lidya dan Yunita serta segenap keluarga besar *Dendrophile* Biologi 2021 yang telah banyak direpotkan oleh penulis selama proses perkuliahan dan penyusunan tulisan ini;
11. Penduduk kamar Dar-assalam, Lantai 2 baru serta segenap Keluarga besar MAGER 2.1 yang senantiasa membersamai perjalanan penulis dalam proses menuntut ilmu di Pondok Pesantren Al-Ma'rufiyah;
12. Klub bola favorit penulis yaitu Manchester United yang selalu mengajarkan arti sabar dan percaya “proses” terhadap setiap hasil yang di dapat dari apa yang telah diupayakan;
13. Semua pihak yang tidak dapat penulis sebut satu-persatu yang telah memberikan doa dan dukungan sehingga penulis dapat menyelesaikan tulisan ini dengan baik.

Semoga segala bentuk kontribusi yang telah diberikan dapat menjadi amal jariyah dan mendapat balasan yang terbaik dari Allah SWT. Penulis menyadari dalam penulisan skripsi ini masih terdapat banyak kesalahan dan kekurangan, sehingga kritik dan saran untuk tulisan ini sangat diharapkan untuk membuat tulisan ini menjadi lebih baik agar nantinya bisa menjadi hal yang bermanfaat bagi pembaca.

Semarang, 28 Desember 2024

Ahmad Juwarsyah

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
PERNYATAAN KEASLIAN	ii
PENGESAHAN	Error! Bookmark not defined.
NOTA DINAS	iii
NOTA DINAS	v
MOTTO	vi
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	ix
KATA PENGANTAR	xi
DAFTAR ISI	xiv
DAFTAR GAMBAR	xvii
DAFTAR TABEL	xviii
DAFTAR LAMPIRAN	xix
DAFTAR GAMBAR LAMPIRAN	xx
BAB I PENDAHULUAN	1
A. Latar Belakang Masalah.....	1
B. Rumusan Masalah.....	4
C. Tujuan Penelitian	5
D. Manfaat Penelitian	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	7
A. Kajian Teori.....	7
1. Edelweis	7
2. Status konservasi edelweis dalam Pandangan Islam	9
3. Teknik Molekuler.....	12
a. Isolasi DNA.....	12
b. <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	14
c. Elektroforesis	18
d. <i>DNA Barcoding</i>	20
e. Sekuen <i>Maturase-K</i>	23
f. <i>DNA Sequencing</i>	25
B. Kajian Penelitian Relevan.....	29
C. Kerangka Berpikir	35

BAB III METODE PENELITIAN.....	37
A. Jenis Penelitian.....	37
B. Tempat dan Waktu Penelitian	37
C. Alat dan Bahan.....	40
D. Cara Kerja.....	41
1. Pengambilan sampel	41
2. Pengukuran Parameter Lingkungan	42
3. Pengambilan Data untuk Upaya Konservasi Edelweis melalui Kuesioner	42
4. Pengamatan Morfologi.....	43
5. Isolasi DNA	44
6. Amplifikasi Sekuen matK.....	46
7. Elektroforesis	47
8. <i>Sequencing</i> DNA.....	48
9. Analisis Data.....	48
BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN	51
A. Deskripsi Hasil Penelitian	51
1. Data Pengambilan Sampel	51
2. Hasil Analisis Parameter Lingkungan.....	52
3. Hasil Karakterisasi Morfologi Edelweis.....	55
4. Hasil Karakterisasi Genetik Edelweis	58
5. Hasil Analisis Tingkat Pengetahuan dan Perilaku Masyarakat Terhadap Konservasi Edelweis.....	72
B. Pembahasan Hasil Penelitian	78
1. Hasil Analisis Parameter Lingkungan.....	78
2. Hasil Karakterisasi Morfologi Edelweis.....	79
3. Hasil Karakterisasi Genetik Edelweis	82
4. Hasil Analisis Tingkat Pengetahuan dan Perilaku Masyarakat Terhadap Konservasi Edelweis.....	93
C. Keterbatasan Penelitian	100
BAB V PENUTUP	101
A. Simpulan.....	101
B. Saran.....	102
DAFTAR PUSTAKA	103
LAMPIRAN.....	110

DAFTAR RIWAYAT HIDUP	122
1. Identitas Diri	122
2. Riwayat Pendidikan.....	122

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Judul	Halaman
Gambar 2. 1	<i>Anaphalis</i> sp.	8
Gambar 2.2	PCR	14
Gambar 2.3	Elektroforesis	16
Gambar 2.4	<i>Barcoding</i> tumbuhan	21
Gambar 2.5	Diagram sekuen <i>matK</i>	22
Gambar 2.6	<i>Sekuensing</i> sanger	26
Gambar 2.7	Kerangka berpikir	34
Gambar 3.1	Peta Lokasi sampling	36
Gambar 3.1	Peta pendakian	37
Gambar 4.1	Data morfologi	54
Gambar 4.4	Perbandingan dua jenis edelweis	55
Gambar 4.3	Visualisasi hasil isolasi DNA	56
Gambar 4.4	Amplifikasi pita DNA	57
Gambar 4.5	grafik elektroferogram	58
Gambar 4.6	Hasil rekonstruksi pohon filogenetik	63

DAFTAR TABEL

Tabel	Judul	Halaman
Tabel 2. 1	Kajian Penelitian yang Relevan	29
Tabel 3.1	Data Primer target	41
Tabel 3.2	Karakter Morfologi <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.	44
Tabel 4.1	Hasil analisis parameter lingkungan	52
Tabel 4.2	Karakter Morfologi <i>A. javanica</i> Sch.Bip.	56
Tabel 4.3	Daftar Sekuens Pembanding Berdasarkan Hasil BLASTn	61
Tabel 4.4	Komposisi nukleotida	66
Tabel 4.5	Hasil Ekstraksi Faktor	71
Tabel 4.6	Hasil Rotasi Faktor	72
Tabel 4.7	Penamaan Faktor	74

DAFTAR LAMPIRAN

Tabel Lampiran	Judul	Halaman
Lampiran 1	Uji one-way ANNOVA Parameter Lingkungan	107
Lampiran 2	Data responden	109
Lampiran 3	Uji Asumsi <i>Barlett Test of Sphericity</i>	111
Lampiran 4	Korelasi Variabel dan Nilai Keiser Meyer Olkin (KMO)	111
Lampiran 5	Uji Realibilitas	112
Lampiran 6	Hasil BLASTn	112
Lampiran 7	Hasil <i>alignment Clustal W</i>	113
Lampiran 8	Sekuen <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip. hasil <i>contig</i>	113

DAFTAR GAMBAR LAMPIRAN

Gambar	Judul	Halaman
Gambar lampiran 1	Dokumentasi Penelitian	116

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang Masalah

Indonesia adalah salah satu negara dengan keanekaragaman hayati tertinggi di dunia, negara ini memiliki 24.632 jenis tumbuhan berbunga atau 9,50% dari total spesies dunia meskipun luas daratan Indonesia hanya 1,3% dari total daratan bumi (Retnowati *et al.*, 2019). Salah satu jenis tumbuhan herba di Indonesia berasal dari famili Asteraceae. Asteraceae adalah tumbuhan berbunga (Angiospermae) yang mendominasi vegetasi tumbuhan di bumi, dengan sekitar 1.250 marga dan 25.000 spesies yang tersebar hampir di seluruh dunia (Bisht & Purohit, 2014).

Tumbuhan edelweis (*Anaphalis* sp.) adalah salah satu anggota famili Asteraceae yang tumbuh di Indonesia. Tumbuhan ini hanya dapat hidup di ketinggian 800–3400 meter di atas permukaan laut, membutuhkan sinar matahari penuh, dan dapat berbunga hingga 10 tahun. Bunga edelweis tidak mudah layu karena mengandung hormon etilen yang menjaga kelopak bunga tetap utuh lebih lama (Soetoto & Graicila, 2022).

Edelweis tumbuh di beberapa gunung di Indonesia, di Pulau Jawa edelweis tumbuh di beberapa gunung seperti Gunung Sumbing, Gunung Merbabu, Gunung Bromo, dan Gunung Lawu.

Kemudian di Pulau Sumatera terdapat Gunung Dempo, Kerinci dan Singgalang. Di Pulau Sulawesi dapat ditemukan di Gunung Soputan, Bonthain dan Lokon, serta beberapa gunung lain di beberapa pulau di Indonesia. Terdapat empat jenis tumbuhan edelweis yang sering ditemukan di tempat-tempat pendakian gunung di Indonesia. Jenis-jenis tersebut adalah *A. javanica*, *A. longifolia*, *A. viscida*, dan *A. maxima* (Steenis, 2010)

Edelweis (*Anaphalis* sp.) merupakan salah satu spesies tumbuhan yang dilindungi di kawasan konservasi yang keberadaannya semakin terancam akibat meningkatnya aktivitas masyarakat dan wisatawan di hutan serta pegunungan, seperti alih fungsi lahan dan kegiatan pendakian yang semakin sering terjadi belakangan ini. Dalam kawasan konservasi, baik hewan maupun tumbuhan dilindungi oleh Undang-Undang untuk menjaga kelestariannya (Soetoto & Graicila, 2022). Status konservasi tumbuhan edelweis (*Anaphalis* sp.) tertulis dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup Dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.20 tahun 2018 tentang jenis tumbuhan dan satwa yang dilindungi (KLHK, 2018).

Dengan adanya status konservasi tersebut diharapkan adanya pengembangan penelitian tentang tumbuhan ini, terutama di bidang molekuler. Salah satu metode molekuler yang dapat digunakan adalah DNA *barcoding*, yaitu teknik identifikasi spesies dengan menganalisis potongan pendek genom yang memberikan

tanda genetik spesifik dari suatu spesies. Menurut Trujillo-argueta *et al.*, (2022) teknik inovatif ini memiliki keunggulan utama yaitu kebutuhan sampel jaringan yang sangat kecil dari organisme yang diuji, sehingga meminimalkan kerusakan pada tumbuhan utuhnya.

Penelitian ini menggunakan gen kloroplas *maturase-K* (*matK*) sebagai penanda DNA *barcoding* edelweis (*Anaphalis* sp.). *matK* adalah salah satu gen kloroplas yang paling cepat berkembang, dan telah digunakan untuk identifikasi pada tingkat famili, genus, bahkan spesies. *matK* dapat menunjukkan perbedaan antarspesies dan memiliki tingkat transisi dan transversi yang rendah sehingga mutasi pada urutan DNA terjadi dengan frekuensi yang lebih rendah (Hollingsworth *et al.*, 2011). Penelitian Prasetya *et al.*, (2020) menunjukkan bahwa urutan gen *matK* memiliki potensi untuk dikembangkan sebagai DNA *barcoding* untuk mengidentifikasi *A. longifolia* yang masih berada dalam genus yang sama yaitu *Anaphalis*.

Edelweis yang digunakan dalam penelitian ini dikoleksi dari Gunung Sumbing, Jawa Tengah. Hingga saat ini, penelitian spesifik mengenai tumbuhan edelweis di Gunung Sumbing belum pernah dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi baru secara geografis terkait studi edelweis. Sebelumnya, penelitian terkait edelweis telah dilakukan di beberapa gunung lain di Indonesia, seperti Gunung Lawu dan

Gunung Merbabu (Dewantara, 2017), Gunung Prau (Kuswanto, 2022), Gunung Bromo, Gunung Tengger, dan Gunung Semeru (Ade *et al.*, 2019), serta Gunung Sopotan (Rahalus *et al.*, 2015), kemudian penelitian juga mencakup Gunung Tandikat, Gunung Talang, Gunung Merapi, dan Gunung Singgalang (Taufiq *et al.*, 2013).

Selain data geografis, kebaruan lain dari penelitian ini terletak pada bidang genetika, di mana data genetik edelweis di Indonesia dengan penanda *matK* belum tersedia di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). NCBI adalah bagian dari *National Library of Medicine* (NLM) yang merupakan situs utama untuk mengakses *Genbank*, sebuah basis data urutan nukleotida yang komprehensif (Benson *et al.*, 2013).

Berdasarkan alasan-alasan tersebut, penelitian ini bertujuan untuk untuk mengetahui karakteristik genetik edelweis (*Anaphalis* sp.) yang diambil dari Gunung Sumbing, Jawa Tengah dan diharapkan dapat mendukung upaya konservasi genetik tumbuhan tersebut.

B. Rumusan Masalah

Penelitian ini memiliki rumusan masalah sebagai berikut:

1. Bagaimana karakteristik genetik edelweis (*Anaphalis* sp.) di Gunung Sumbing menggunakan penanda *matK*?

2. Bagaimana tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai upaya konservasi edelweis (*Anaphalis* sp.) di Gunung Sumbing?

C. Tujuan Penelitian

Penelitian ini memiliki tujuan sebagai berikut:

1. Menganalisis karakteristik genetik yang terdapat pada sekuen DNA *matK* dari edelweis (*Anaphalis* sp.) di Gunung Sumbing.
2. Menganalisis tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai upaya konservasi edelweis (*Anaphalis* sp.) di Gunung Sumbing.

D. Manfaat Penelitian

1. Manfaat Teoritis

Secara umum Penelitian ini dapat digunakan sebagai bahan bacaan tambahan untuk memperluas pengetahuan dalam ilmu biologi dan sebagai referensi bagi penelitian molekuler terkait *Anaphalis* sp. di masa depan.

2. Manfaat Praktis

- a. Penelitian ini merupakan penerapan dari berbagai disiplin ilmu yang telah dipelajari oleh penulis selama perkuliahan, terutama di bidang genetika, botani, bioinformatika, dan biologi molekuler.
- b. Bagi masyarakat secara umum, penelitian ini diharapkan mampu dijadikan sebagai referensi dalam pemahaman

mengenai spesies-spesies flora yang berada pada status terancam.

- c. Bagi Perguruan tinggi, penelitian ini bisa berguna dalam menambah koleksi pustaka yang harapannya bisa dikembangkan untuk penelitian selanjutnya.
- d. Bagi Dinas Lingkungan Hidup setempat, penelitian ini dapat dimanfaatkan sebagai referensi dalam upaya konservasi *Anaphalis* sp.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

A. Kajian Teori

1. Edelweis

Edelweis (*Anaphalis* sp.) adalah jenis tumbuhan dari famili Asteraceae yang hidup di daerah pegunungan dengan ketinggian 800–3400 meter di atas permukaan laut. Tumbuhan ini dikenal sebagai bunga abadi karena sangat tahan lama dan tidak mudah mengalami kerusakan (Yuzammi *et al.*, 2010). Edelweis (*Anaphalis* sp.) memiliki perawakan perdu, percangan batang lebat, memiliki bunga tabung berwarna putih dan tempat bunga cakram berwarna kuning (Steenis, 2006).

Genus *Anaphalis* sebagian besar tersebar di Asia Tengah dan Selatan, dengan sekitar 110 spesies. Di Asia Tenggara, termasuk Papua Nugini, hanya terdapat 6 jenis *Anaphalis*, yaitu: *A. javanica*, *A. longifolia*, *A. maxima*, *A. viscida*, *A. helwigii*, dan *A. arfakensis* (Taufiq *et al.*, 2013). Di Indonesia, terdapat empat jenis tumbuhan edelweis yang sering ditemukan diantaranya yaitu *A. javanica*, *A. longifolia*, *A. viscida*, dan *A. maxima* (Steenis, 2010).

Anaphalis javanica Sch.Bip. adalah salah satu jenis edelweis dari famili Asteraceae yang paling banyak ditemukan

tumbuh di Indonesia, tumbuhan ini termasuk flora endemik pegunungan dan langka, menyerupai semak dengan bunga yang bergerombol. Penyebaran tumbuhan ini bervariasi, tetapi lebih sering ditemukan di daerah berbatu pada ketinggian 2000-2900 meter (Vigneron *et al.*, 2005). Tampilan dari tumbuhan edelweis bisa diamati pada Gambar 2.1 di bawah ini.

Adapun klasifikasi dari *Anaphalis javanica* Sch.Bip. sebagai berikut:

Kingdom : Plantae

Filum : Tracheophyta

Kelas : Magnoliopsida

Ordo : Asterales

Famili : Asteraceae

Genus : *Anaphalis* DC.

Spesies : *Anaphalis javanica* Sch.Bip.

(ITIS.gov, 2024)



Gambar 2. 1 Tumbuhan edelweis (*Anaphalis javanica* Sch.Bip.)
(Sumber: iNaturalist, 2024)

2. Status konservasi edelweis dalam Pandangan Islam

Status konservasi tumbuhan edelweis (*Anaphalis* sp.) tertulis dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup Dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.20 tahun 2018 tentang jenis tumbuhan dan satwa yang dilindungi (KLHK, 2018). Edelweis merupakan tumbuhan yang dilindungi karena keindahannya dan statusnya sebagai spesies langka, meskipun demikian perhatian terhadap konservasi lingkungan dalam konteks hukum Islam seringkali belum mendapatkan perhatian yang mendalam dan spesifik, meski pada dasarnya

ada prinsip-prinsip umum tentang tanggung jawab manusia terhadap alam. Fiqh klasik memang menyebutkan isu-isu ini dalam beberapa bab terpisah, namun belum menjadikannya buku khusus. Hal ini dapat dimaklumi karena pada masa itu, struktur masyarakat belum menghadapi krisis lingkungan seperti yang terjadi saat ini (Aziz, 2019).

Sebagai kitab suci dalam Ajaran Islam, Al-Qur'an membahas berbagai isu lingkungan. Menurut pandangan Mohammad Shomali, lebih dari 750 ayat di dalam Al-Qur'an terkait dengan alam. Seperti yang terdapat pada surat Al-Hadid ayat 4 sebagai berikut:

ثُمَّ أَيَّامٍ تَتَّهِسُ فِي وَالْأَرْضِ السَّمَاوَاتِ خَلَقَ الَّذِي هُوَ
 مِنْهَا يَخْرُجُ وَمَا الْأَرْضِ فِي يَلْجُ مَا يَعْلَمُ ۗ الْعَرْشِ عَلَى اسْتَوَى
 كُنْتُمْ مَا أَيْنَ مَعَكُمْ هُوَ ۗ وَ ۗ فِيهَا يَعْرُجُ وَمَا السَّمَاءِ مِنْ يَنْزِلُ وَمَا
 بَصِيرٌ تَعْمَلُونَ بِمَا وَاللَّهُ ۗ

Artinya: “Dialah yang menciptakan langit dan bumi dalam enam masa: Kemudian Dia bersemayam di atas 'Arsy. Dia mengetahui apa yang masuk ke dalam bumi dan apa yang keluar daripadanya dan apa yang turun dari langit dan apa yang naik kepada-Nya. Dan Dia bersama kamu di mana saja kamu berada. Dan Allah Maha Melihat apa yang kamu kerjakan.” (QS. Al-Hadid: 4).

Dalam Tafsir Jalalain dijelaskan bahwa ayat ini memiliki penafsiran (Dialah yang menciptakan langit dan bumi dalam enam hari) yakni sebagaimana hari-hari di dunia; dimulai dari hari Ahad dan berakhir pada hari Jumat. (Kemudian Dia bersemayam/berkuasa di atas Arasy) di atas Al Kursiy sesuai dengan keagungan dan kebesaran-Nya (Dia mengetahui apa yang masuk) semua yang masuk (ke dalam bumi) seperti air hujan dan orang-orang yang mati (dan apa yang keluar daripadanya) seperti tumbuh-tumbuhan dan mineral (dan apa yang turun dari langit) seperti rahmat/hujan dan azab (dan apa yang naik kepada-Nya) seperti amal-amal saleh dan amal-amal yang buruk. (Dan Dia bersama kalian) melalui ilmu-Nya (di mana saja kalian berada. Dan Allah Maha Melihat apa yang kalian kerjakan) (Al-Khoirot, 2024).

Istilah-istilah yang sering digunakan untuk menggambarkan lingkungan dalam Al-Qur'an mencakup beberapa kata kunci seperti *al-alam* (mencakup semua spesies), *al-sama'* (ruang dan waktu), *al-ard* (bumi), serta *al-bi'ah* (lingkungan). Dalam sejumlah kutipan ayat, dikatakan bahwa fenomena kehidupan memiliki dampak pada Tuhan dan kemungkinan akan mempengaruhi-Nya. Istilah *al-alam* muncul sebanyak 71 kali, sementara kata *rabb* disebutkan 44 kali dalam konteks tersebut (Dewanti *et al.*, 2021).

Environmental fiqh merupakan kemajuan baru dalam upaya pelestarian dan pemulihan lingkungan dari agama, salah satu spesies yang membutuhkan upaya konservasi yaitu *Anaphalis* sp. Pendekatan ini menekankan pentingnya pendekatan religius, termasuk produk hukum, dalam konteks pelestarian dan pemulihan lingkungan sebagai pelengkap pendekatan dari disiplin ilmu lain yang sudah ada (Aziz, 2019). Upaya konservasi spesies seperti *Anaphalis* sp. memiliki keterkaitan dengan proses pemurnian DNA. pentingnya pemurnian DNA dapat dilihat dalam konteks pelestarian keanekaragaman hayati, dimana isolasi DNA memainkan peran krusial dalam studi genetik untuk memahami dan melindungi spesies yang terancam punah.

3. Teknik Molekuler

a. Isolasi DNA

Isolasi DNA merupakan proses untuk memurnikan DNA dari sampel melalui kombinasi teknik fisik dan/atau kimia, DNA dipisahkan dari membran sel, protein, serta komponen lain dalam sel. Friedrich Miescher adalah orang pertama yang berhasil melakukan isolasi DNA pada tahun 1869. Teknik isolasi DNA yang digunakan harus mampu menghasilkan ekstraksi dengan efisiensi tinggi, sehingga diperoleh DNA yang berkualitas baik, dalam jumlah cukup,

murni, serta bebas dari kontaminasi, seperti RNA dan protein (Gupta, 2019).

Proses isolasi DNA dimulai dengan penghancuran sel untuk melepaskan DNA, kemudian dilanjutkan dengan penggunaan bahan kimia atau enzim guna menghilangkan komponen lain seperti makromolekul, lipid, RNA, dan protein. Teknik isolasi DNA terdiri dari beberapa jenis, antara lain: isolasi organik menggunakan metode *fenol-kloroform*, metode non-organik dengan pengolahan *salting* dan *proteinase K*, serta metode adsorpsi menggunakan membran silika-gel (Gupta, 2019).

Isolasi DNA secara konvensional memerlukan waktu dan langkah-langkah yang cukup rumit, seperti penghancuran sel menggunakan deterjen seperti *natrium dodesil sulfat*, *Tris-Cl*, dan *EDTA*. Setelah itu, sisa-sisa sel dihilangkan dengan cara disentrifugasi. Selanjutnya, *protease* digunakan untuk mengurai protein. Pelarut organik seperti kloroform, fenol, atau campuran fenol dan kloroform (dengan perbandingan fenol/kloroform/isoamil alkohol 25:24:1) digunakan untuk merusak dan mengendapkan protein dari larutan asam nukleat. Protein yang telah terpisah kemudian dihilangkan dengan cara sentrifugasi dan pencucian. Penambahan RNase dilakukan untuk menghilangkan RNA yang tidak diinginkan. Setelah

itu DNA diendapkan dengan mengkombinasikan pelarut organik seperti ethanol atau isopropanol dengan garam, kombinasi ini dapat membantu mempercepat dan mempermudah pengendapan DNA. Endapan ini dapat dipisahkan kembali melalui sentrifugasi dan kemudian dilarutkan dalam buffer TE atau air suling ganda (Gupta, 2019).

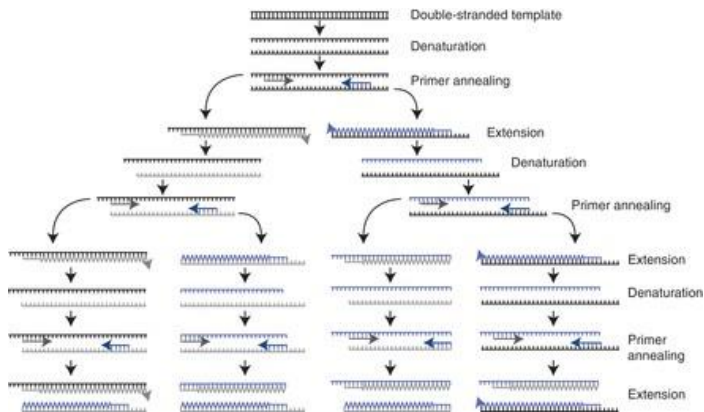
Jenis isolasi lainnya adalah isolasi menggunakan kit komersial. Penggunaan kit ekstraksi komersial yang sudah mencakup semua bahan yang dibutuhkan dalam proses ekstraksi, merupakan salah satu pengembangan teknologi untuk membuat ekstraksi DNA lebih efisien. Proses ini relatif cepat, dengan waktu pengerjaan sekitar 2 jam (Hutami *et al.*, 2018). Dengan demikian, hasil ekstraksi DNA yang efisien dan berkualitas tinggi sangat penting untuk memastikan keberhasilan dalam aplikasi lanjutan, seperti amplifikasi dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR).

b. *Polymerase Chain Reaction* (PCR)

Polymerase Chain Reaction (PCR) adalah teknik amplifikasi asam nukleat secara buatan yang digunakan untuk mendenaturasi dan mengubah sifat segmen pendek rangkaian asam deoksiribonukleat (DNA) atau asam ribonukleat (RNA) menggunakan enzim DNA polimerase I,

isolat dari *Thermus Aquaticus*, yang dikenal sebagai Taq DNA (Khehra *et al.*, 2023). Dengan menggunakan PCR, rangkaian target tertentu yang muncul satu kali dalam DNA yang memiliki kompleksitas tinggi dan ukuran besar, seperti seluruh genom mamalia, dapat diamplifikasi dengan cepat dan selektif. Proses ini dilakukan melalui reaksi berantai yang menghasilkan jutaan salinan (Green & Sambrook, 2019).

PCR telah disesuaikan untuk berbagai tugas dalam kloning molekuler, seperti pengurutan DNA, mutagenesis *in vitro*, deteksi mutasi, kloning cDNA dan DNA genom, serta analisis alel. Proses PCR melibatkan perubahan suhu secara bertahap untuk memulai dan menyelesaikan sintesis DNA, yang dikendalikan oleh aktivitas enzim (Green & Sambrook, 2018). Siklus PCR terdiri dari tiga tahap utama: pertama, pemisahan rantai DNA dengan pemanasan; kedua, penempelan primer (potongan pendek DNA) pada rantai tunggal DNA target; dan ketiga, perpanjangan primer oleh enzim DNA polimerase yang tahan terhadap suhu tinggi (Green & Sambrook, 2019).



Gambar 2. 2 Amplifikasi DNA secara *in vitro* menggunakan PCR (Green & Sambrook, 2019)

Proses amplifikasi ditunjukkan pada diagram Gambar 2.2. Diagram tersebut menggambarkan langkah-langkah yang terlibat dalam beberapa putaran pertama PCR. *Template* asli (di bagian atas) adalah DNA untai ganda, dan primer oligonukleotida yang mengarah ke kiri dan kanan ditunjukkan dengan tanda panah ← dan →. Produk dari beberapa putaran pertama reaksi amplifikasi beragam dalam ukuran; namun, segmen DNA yang terletak di antara dua primer tersebut menjadi prioritas untuk diperbanyak dan dengan cepat menjadi produk dominan dari reaksi amplifikasi (Green & Sambrook, 2019).

Cetakan DNA untai ganda mengalami denaturasi pada suhu yang sebagian ditentukan oleh kandungan G + C-nya. Semakin tinggi proporsi G + C, semakin tinggi pula suhu yang diperlukan untuk memisahkan untai DNA cetakan. Semakin panjang molekul DNA, semakin besar waktu yang dibutuhkan pada suhu denaturasi yang dipilih untuk memisahkan kedua untai secara sempurna. Pada PCR yang dikatalisis oleh *Taq* DNA *polymerase*, denaturasi dilakukan pada suhu 94°C – 95°C yang merupakan suhu tertinggi dimana enzim dapat bertahan selama 30 siklus atau lebih tanpa mengalami kerusakan yang berlebihan (Green & Sambrook, 2019).

Tahap selanjutnya yaitu *annealing*, pada tahap ini primer akan melekat pada DNA template. Oleh karena itu diperlukan pengaturan suhu yang tepat. Jika suhu terlalu tinggi, primer tidak akan melekat dengan baik pada cetakan DNA, sehingga hasil amplifikasi menjadi sangat rendah. Sebaliknya, jika suhu terlalu rendah, primer bisa melekat secara tidak spesifik, yang dapat menyebabkan perbanyakan segmen DNA yang tidak diinginkan. Proses *annealing* umumnya dilakukan 3°C–5°C lebih rendah dari *melting temperature* (t_m) primer, yang merupakan suhu di mana primer terlepas

dari cetakan DNA. Tahap selanjutnya adalah ekstensi, yaitu fase di mana DNA mulai disintesis pada ujung 3' dari primer yang telah menempel. Proses ekstensi ini berlangsung pada suhu antara 55°C hingga 70°C, dan dipercepat oleh enzim DNA *polimerase* yang dapat bertahan pada suhu tinggi (Green & Sambrook, 2019).

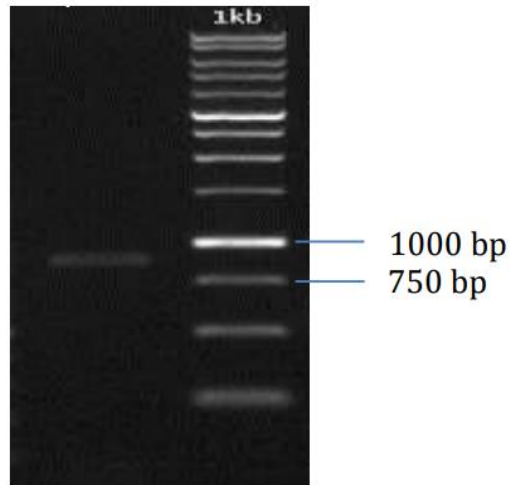
c. Elektroforesis

Setelah proses amplifikasi DNA melalui PCR, gel *agarose* digunakan dalam teknik elektroforesis untuk memisahkan dan memurnikan fragmen DNA yang terbentuk. Medan listrik yang dihasilkan oleh elektroda digunakan dalam proses pemisahan yang dikenal sebagai elektroforesis untuk membedakan antara zat yang bermuatan negatif (anion) dan yang bermuatan positif (kation). Gel *agarose* sebagai media fase stasioner yang dikombinasikan dengan larutan penyangga, yang menjaga pH sampel tetap stabil selama proses pemisahan (Harahap *et al.*, 2018).

Agarose gel electrophoresis adalah teknik yang sederhana dan sangat efisien untuk memisahkan, mengidentifikasi, dan memurnikan fragmen DNA yang memiliki ukuran antara 0,5 hingga 25 kb. Proses pemisahan dilakukan dengan memasukkan sampel DNA ke dalam sumur yang telah dibuat di gel, lalu dialiri

arus listrik. Gugus fosfat pada tulang punggung DNA (serta RNA) bermuatan negatif, sehingga fragmen-fragmen DNA akan bergerak menuju anoda yang bermuatan positif saat medan listrik diterapkan. Molekul DNA yang memiliki rasio massa terhadap muatan yang konstan akan terpisah berdasarkan ukurannya di dalam gel, di mana jarak migrasi fragmen berbanding terbalik dengan logaritma dari berat molekulnya (Lee *et al.*, 2012).

Metode ini terdiri dari tiga tahap utama, diawali dengan membuat gel dengan konsentrasi *agarose* yang sesuai untuk ukuran fragmen DNA yang akan dipisahkan. Kemudian memasukkan sampel DNA ke dalam sumur gel dan menjalankan elektroforesis pada tegangan dan waktu tertentu untuk mencapai pemisahan optimal. Dan diakhiri dengan mewarnai gel dengan pewarna seperti etidium bromida, yang dicampur dengan gel dan buffer elektroforesis, lalu divisualisasikan menggunakan sinar UV. Seperti hasil pada Gambar 2.3 di atas yaitu sampel *Flacourtia* sp. menggunakan sekuen *matK*; M: *Ladder* 1kb (Rohmaniyah, 2023; Voytas, 1991).



Gambar 2. 3 Tampilan gel pasca elektroforesis (Rohmaniyah, 2023)

d. ***DNA Barcoding***

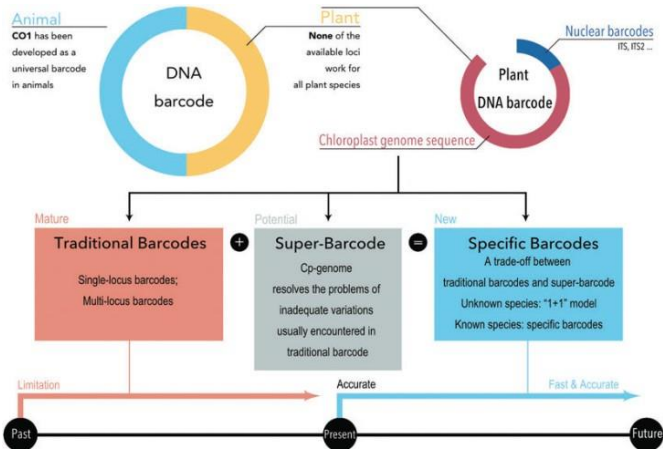
DNA *barcoding* merupakan teknik identifikasi spesies yang memanfaatkan segmen DNA yang telah distandarisasi. Segmen ini menyimpan informasi yang memadai untuk mengklasifikasikan spesies dalam kelompok taksonomi tertentu (Hebert *et al.*, 2003). Tujuan utama dari DNA *barcoding* adalah untuk membuat *database* bersama yang berisi rangkaian DNA, yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi organisme dan membantu memperjelas klasifikasi taksonomi. Dengan adanya DNA *barcoding*, para

peneliti dapat memiliki alat yang efektif untuk mengenali spesies dengan lebih akurat dan mengatasi kesulitan dalam mengklasifikasikan organisme yang sering kali terlihat mirip secara fisik tetapi memiliki perbedaan genetik yang signifikan. Hal ini tidak hanya mempercepat proses identifikasi spesies baru tetapi juga membantu dalam upaya konservasi dan penelitian biodiversitas secara keseluruhan (Hollingsworth *et al.*, 2011).

Proses DNA *barcoding* melibatkan dua langkah utama yaitu mengumpulkan data DNA *barcode* dari spesies yang sudah dikenal dari *database* lalu mencocokkan sekuen *barcode* DNA dari sampel asing dengan *barcode* dari *database* tersebut untuk diidentifikasi menggunakan algoritma *sequence alignment*. Algoritma ini bekerja dengan cara mencari urutan dalam basis data yang paling mirip dengan urutan sampel tersebut (Kress & Erickson, 2012). *Database* DNA *barcoding* yang paling umum digunakan oleh publik adalah *GenBank* yang dikelola oleh NCBI (Benson *et al.*, 2013), *Barcode of Life Data System* (BOLD Systems) (Ratnasingham & Hebert, 2007) dan basis data SILVA (Quast *et al.*, 2013).

Gen target dalam DNA *barcoding* ini bersifat konservatif secara evolusi dan memiliki perbedaan urutan nukleotida yang cukup untuk membedakan spesies dari berbagai taksa. Gen-gen tersebut meliputi *cytochrome c oxidase 1* (CO1) yang biasa digunakan untuk *barcoding* hewan, gen rRNA seperti 12S, 18S, dan 16S yang digunakan untuk *barcoding* fitoplankton dan bakteri, *internal transcribed spacer* (ITS) 1 dan 2 untuk fungi, serta subunit besar dari gen *ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase* (*rbc-L*) untuk tumbuhan (Acinas *et al.*, 2004; Badotti *et al.*, 2017; CBOL, 2009). Sejarah dan perkembangan potensi dari *barcoding* tumbuhan dapat dilihat dalam sebuah garis waktu memiliki skema pada Gambar 2.4 di bawah ini.

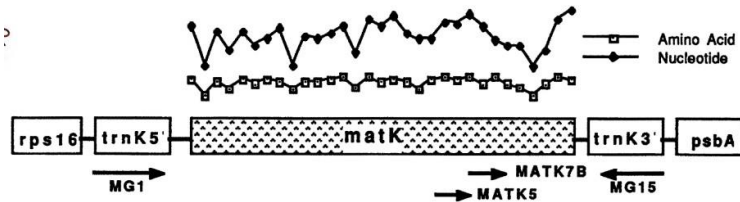
Dalam konteks ini, beberapa penanda genetik penting digunakan, seperti CO1, *nuclear mitochondria chloroplast* dan ITS. Masing-masing penanda tersebut memiliki peran penting dalam identifikasi dan klasifikasi tumbuhan (Li *et al.*, 2014).



Gambar 2. 4 Sejarah dan perkembangan potensi dari barcoding tumbuhan (Xiwen li *et al*, 2014)

e. Sekuen *Maturase-K*

Maturase adalah enzim prokariotik yang membantu pemotongan intron secara mandiri dalam RNA prekursor dan memiliki hubungan evolusioner dengan spliceosome inti. Karena berasal dari prokariotik, baik mitokondria maupun kloroplas mengkodekan satu *maturase* intron, yaitu *maturase R* (*matR*) untuk mitokondria dan *maturase-K* (*matK*) untuk kloroplas. *MatK* diduga membantu pemotongan tujuh intron kloroplas kelompok IIA yang berbeda, yang terdapat dalam RNA prekursor untuk elemen-elemen penting dalam fungsi kloroplas (Barthet *et al*, 2020).



Gambar 2. 5 Diagram sekuen *matK* (Hilu & Liang, 1997)

Gen *matK* kloroplas sangat terkonservasi dalam sistematika tumbuhan yang terlibat dalam penyambungan intron Grup II. Ukuran gennya memiliki panjang 1500 bp, terletak diantara intron *trnK* seperti pada Gambar 2.5 (Selvaraj et al., 2008). Gen ini memiliki ukuran yang ideal, tingkat substitusi yang tinggi, sebagian besar variasi tingkat asam nukleat pada posisi kodon pertama dan kedua, rasio transisi/transversi yang rendah dan adanya sektor yang dilestarikan secara mutasi. Sifat gen *matK* tersebut dimanfaatkan untuk menganalisis hubungan di tingkat famili serta hubungan filogenetik antarspesies dan intraspesies. (Boonsom *et al.*, 2012; Wolfe & Sharp, 1987).

f. DNA Sequencing

DNA *sequencing* adalah penentuan urutan basa dalam molekul DNA. Metode ini digunakan untuk menentukan urutan basa yang melibatkan degradasi kimia atau, yang lebih umum, sintesis enzimatis dari wilayah yang sedang diurutkan. Ada dua metode yang umum digunakan, metode pertama menggunakan bahan kimia untuk secara spesifik mengurai untai DNA, yang dikenal sebagai sekuensing DNA Maxam–Gilbert. Metode kedua melibatkan penghambatan spesifik sintesis enzimatis DNA dan dikenal sebagai sekuensing Sanger (Hardin, 2011).

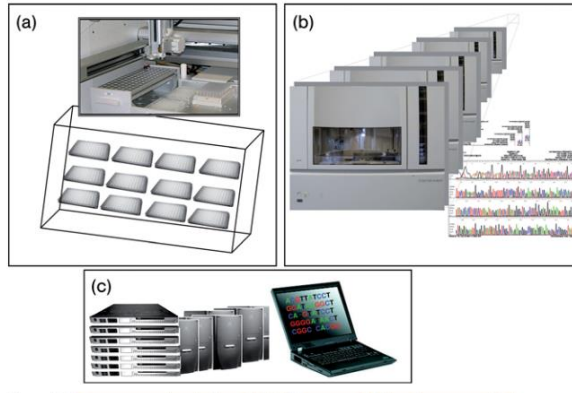
Metode Maxam-Gilbert menggunakan fragmen DNA yang diberi label pada salah satu ujungnya (biasanya dengan penanda radioaktif) dan dilakukan pengrusakan spesifik basa. Bahan kimia yang digunakan untuk merusak DNA adalah dimetilsulfat (menyerang basa G), natrium hidroksida (menyerang basa A), asam format (menyerang basa G dan A), hidrazin (menyerang basa C dan T), serta hidrazin dengan natrium klorida (menyerang basa C). Perlakuan ini dibatasi agar rata-rata hanya satu basa dalam untai yang rusak per fragmen. Modifikasi dan penghilangan basa menghasilkan titik lemah dalam molekul DNA yang rentan terhadap pemutusan.

Selanjutnya, DNA diberi perlakuan piperidin pada suhu tinggi untuk memutus untai pada posisi yang dilemahkan. Reaksi ini dilakukan pada populasi molekul, sehingga elektroforesis dari reaksi tersebut menghasilkan tangga produk pemutusan yang sesuai dengan posisi basa sepanjang untai DNA. Produk dari berbagai modifikasi kimia dielektroforesis dalam lajur yang berdekatan pada gel dan dibaca untuk menentukan sekuens DNA (Hardin, 2011).

Metode *sequencing* lainnya yaitu *Sequencing Sanger* adalah salah satu metode penting dalam *sequencing* DNA. Dikembangkan oleh Frederick Sanger pada tahun 1977, metode ini mengubah pendekatan standar untuk replikasi DNA dan merupakan teknik dasar yang sering digunakan di laboratorium untuk sekuensing DNA. Pengurutan Sanger bergantung pada penggunaan dideoksinukleotida yang mengakhiri rantai dan proses elektroforesis kapiler untuk menentukan urutan nukleotida pada cetakan DNA. Proses ini melibatkan sintesis untai DNA komplementer menggunakan enzim DNA polimerase, DNA *template*, dan primer (Men *et al.*, 2008).

Selain dua metode konvensional di atas, terdapat metode *sequencing* yang lain yaitu *automated dideoxy sequencing*. Metode ini adalah hasil pengembangan dari

metode Sanger *sequencing* konvensional yang pada awalnya dilakukan secara manual dengan menggunakan elektroforesis gel dan pelabelan radioaktif untuk mendeteksi fragmen DNA. Namun, proses ini memiliki keterbatasan dalam hal efisiensi, kecepatan, dan keamanan. Proses *sequencing* menggunakan metode ini dimulai dengan mempersiapkan klon DNA, dimulai dengan mengisolasi total DNA, yang bisa berupa DNA genomik lengkap dari organisme atau DNA yang terfragmentasi seperti cDNA. DNA ini kemudian dipecah lebih lanjut dan dimasukkan ke dalam vektor untuk diperbanyak di dalam sel bakteri, menghasilkan jutaan koloni bakteri. Mesin *liquid handling* kemudian memilih koloni-koloni individu ke dalam *multiwell plates* untuk mengisolasi klon DNA yang diperbanyak. Selanjutnya, DNA mengalami reaksi sekuensing, seperti yang ditunjukkan dalam Gambar 2.6. di bawah ini.



Gambar 2. 6 Proses Sanger *sequencing*
(Men *et al.*, 2008)

DNA yang sudah disekuensing kemudian dianalisis menggunakan elektroforesis kapiler, dimana nukleotida yang diberi label dipindai oleh laser untuk menghasilkan data sekuensing mentah. Data mentah ini kemudian dikonversi menjadi file komputer yang menampilkan urutan akhir dan kualitas setiap basa yang dipindai. Informasi ini disimpan di server khusus dan biasanya dikirimkan ke basis data publik seperti *GeneBank* (Men *et al.*, 2008).

B. Kajian Penelitian Relevan

Sejumlah penelitian terdahulu yang berkaitan langsung dengan topik penelitian ini disajikan pada Tabel 2.1. Setiap studi memberikan wawasan penting mengenai keragaman genetik, konservasi, morfologi serta distribusi tumbuhan edelweis yang menjadi dasar dan referensi utama dalam memahami konteks serta permasalahan yang akan dianalisis dalam penelitian ini.

Tabel 2. 1 Kajian Penelitian yang Relevan.

No.	Judul dan Penulis	Metode Penelitian	Hasil Penelitian	Gap Penelitian
1.	Distribusi Spasial, Karakteristik Habitat dan Diversitas Genetis <i>Anaphalis</i> sp. di Taman Nasional Bromo Tengger Semeru (Ade <i>et al.</i> , 2009)	Penelitian ini menggunakan gen penanda <i>matK</i> ; metode ekstraksi yang digunakan yaitu menggunakan metode CTAB dengan modifikasi.	Keragaman genetik spesies <i>Anaphalis</i> di TNBTS tergolong rendah, hal tersebut berakibat pada rentannya ancaman lingkungan. Oleh karena itu, diperlukan strategi konservasi yang efektif untuk melindungi dan meningkatkan keragaman genetik serta menjaga habitat alami <i>Anaphalis</i> di TNBTS agar populasinya tetap lestari.	Peran sosial dan perilaku masyarakat: penelitian ini tidak menyinggung faktor sosial, seperti bagaimana tingkat pengetahuan dan masyarakat atau wisatawan di sekitar kawasan konservasi berperan dalam keberlanjutan <i>Anaphalis</i> sp.
2.	Keanekaragaman Genetik Edelweis (<i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.) Menggunakan Penanda DNA kloroplas Gen <i>MatK</i> (Dewantara, 2017)	Penelitian ini menggunakan gen penanda <i>matK</i> ; metode ekstraksi yang digunakan yaitu menggunakan metode CTAB dengan modifikasi.	Hasil perbandingan urutan sekuen, baik dalam populasi maupun antar populasi, menunjukkan tidak ada variasi genetik	Peningkatan kualitas dan konsistensi data genetik: penggunaan kit komersial dapat menghasilkan DNA yang lebih murni dan bebas dari kontaminasi polisakarida atau polifenol yang umum dalam sampel tumbuhan dibandingkan dengan metode CTAB.

Tabel 2. 1 Lanjutan Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul dan Penulis	Metode Penelitian	Hasil Penelitian	Gap Penelitian
3.	<i>DNA Barcoding of Edelweis (Anaphalis longifolia) of North Sumatran Origin Using Sequence Maturase-K Gene</i> (Prasetya et al.,2020)	Pada penelitian ini, sampel <i>A. longifolia</i> yang diperoleh dari Sumatera Utara kemudian diisolasi menggunakan Geneaid <i>Plant DNA Isolation Kit</i> , diamplifikasi menggunakan penanda <i>matK</i> , dan dilakukan <i>sequencing</i> . Hasil <i>sequencing</i> dianalisis dengan program <i>Molecular Evolution Genetics Analysis (MEGA)</i> Versi X.	Penelitian menunjukkan bahwa urutan gen <i>matK</i> berhasil diamplifikasi pada panjang 800-850 kb dan efektif untuk mengelompokkan <i>A. longifolia</i> . Kandungan AT pada gen <i>matK A. longifolia</i> lebih tinggi daripada GC. Jarak genetik berkisar antara 0-0,0014, dengan 1521 karakter yang diamati, termasuk 1403 karakter <i>conserved</i> dan 118 karakter variabel. Pohon filogenetik membuktikan bahwa gen <i>matK</i> dapat membedakan <i>A. longifolia</i> secara efektif.	Perbandingan populasi di daerah lain: untuk melihat bagaimana perbedaan wilayah geografis memengaruhi variasi genetik tumbuhan tersebut
4.	<i>Barcode DNA Edelweis (Anaphalis javanica Sch.Bip.) Berdasarkan Gen matK</i> (Rahalus et al., 2015)	Isolasi DNA menggunakan <i>Kit InnuPrep Plant</i> dengan prosedur manual yang dimodifikasi. Amplifikasi PCR dilakukan menggunakan gen penanda <i>matK</i> .	Hasil analisis urutan menghasilkan <i>barcode</i> DNA edelweis sepanjang 843 bp. Analisis kesamaan menunjukkan bahwa tingkat kekerabatan terdekat adalah dengan <i>A. margaritaceae</i> , yaitu 99,86% di Sistem BOLD dan 100% di NCBI.	Adaptasi terhadap faktor lingkungan: penelitian ini tidak mengeksplorasi bagaimana genetik edelweis (misalnya berdasarkan gen <i>matK</i>) berkaitan dengan adaptasinya terhadap kondisi lingkungan yang ekstrem di habitat gunung tinggi.

Tabel 2. 1 Lanjutan Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul dan Penulis	Metode Penelitian	Hasil Penelitian	Gap Penelitian
5.	Keanekaragaman Tumbuhan Edelweis (<i>Anaphalis</i> Spp) Pada Jalur Pendakian Cemoro Kandang Gunung Lawu, Karanganyar Jawa Tengah (Andyarto, 2022)	Penelitian ini menggunakan metode deskriptif eksploratif untuk menentukan lokasi pengambilan sampel di jalur pendakian. Dengan teknik purposive sampling, penelitian ini memilih sampel secara purposive di sepanjang jalur tersebut. Untuk sampling tumbuhan Edelweis, penelitian ini menerapkan metode belt transect, mengamati tumbuhan sepanjang jalur yang telah ditentukan.	Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa terdapat 2 spesies Edelweis yang ditemukan, yaitu <i>Anaphalis javanica</i> dan <i>Anaphalis longifolia</i> . Dari kedua spesies tersebut, <i>Anaphalis javanica</i> memiliki Indeks Nilai Penting tertinggi yaitu 180,632%, sedangkan <i>Anaphalis longifolia</i> memiliki Indeks Nilai Penting terendah yaitu 19,368%. Nilai indeks keragaman tumbuhan Edelweis tergolong rendah, yaitu 0,102. Penyebaran Edelweis di Rute Pendakian Cemoro Sewu cenderung terkumpul di area tertentu.	Faktor ekologis spesifik yang memengaruhi keanekaragaman edelweis: penelitian ini hanya berfokus pada keanekaragaman tanpa membahas faktor ekologis lainnya, seperti bagaimana kondisi tanah, suhu, atau interaksi dengan spesies lain di jalur tersebut memengaruhi pertumbuhan edelweis
6.	<i>Morphology And Distribution Of Anaphalis Javanica (Asteraceae) In Mount Galunggung, Tasikmalaya Regency</i> (Soendoess, et al., 2022)	Penelitian ini menggunakan teknik survei kuantitatif deskriptif. Variabel yang diteliti meliputi morfologi dan distribusi bunga edelweis (<i>A. javanica</i> Sch.Bip.). Lokasi penelitian berada di area ngarai Gunung Galunggung, pada ketinggian 1.000 - 1.150 meter di atas permukaan laut. Teknik pengambilan sampel yang digunakan adalah <i>purposive sampling</i> , dengan mempertimbangkan lokasi yang tumbuh bunga edelweis (<i>A. javanica</i> Sch.Bip.).	Hasil penelitian menunjukkan bahwa karakter morfologi edelweis di Gunung Galunggung mirip dengan karakter <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip., sehingga dapat dipastikan bahwa spesies tersebut adalah <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.. Selain itu, pola penyebaran <i>A. javanica</i> di Gunung Galunggung termasuk dalam kategori acak, dengan nilai indeks distribusi Morisita sebesar 0,36.	Aspek sosial dan keterlibatan masyarakat: penelitian tersebut hanya fokus pada morfologi dan distribusi <i>Anaphalis javanica</i> di lingkungan fisik tertentu tanpa mengeksplorasi peran masyarakat lokal terhadap pelestarian edelweis.

Tabel 2. 1 Lanjutan Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul dan Penulis	Metode Penelitian	Hasil Penelitian	Gap Penelitian
7.	<i>Traditional Ecological Knowledge For monitoring Anaphalis javanica (DC.) (Asreraceae) In TNBTS, Indonesia.</i> (Susanto <i>et al.</i> , 2024)	Penelitian ini menggunakan metode TEK dengan mewawancarai 641 individu dari tujuh desa Tengger di dekat TNBTS untuk mengumpulkan data tentang sebaran, status dan ancaman yang dihadapi edelweis jawa, Data dikumpulkan lalu dianalisis menggunakan regresi campuran linier umum dan regresi logistik ordinal	Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa pengetahuan masyarakat lokal tentang edelweis jawa sangat luas, dengan 96,3% mengenal tumbuhan ini. Meskipun 73,2% pernah melihatnya di alam liar, banyak dari mereka (85%) yang menganggapnya sebagai tumbuhan langka dan 50% responden melaporkan terjadi penurunan jumlah dari spesies edelweis jawa tersebut.	Penelitian yang ada tidak cukup menilai dampak pendidikan atau kesadaran masyarakat terhadap keberhasilan konservasi edelweis. Ada kemungkinan bahwa meskipun masyarakat tahu tentang ancaman terhadap edelweis, mereka mungkin tidak memiliki pemahaman mendalam tentang bagaimana mereka bisa berkontribusi secara langsung pada upaya konservasi.
8.	Analisis Variasi Morfologi Dan Habitat Edelweis (<i>Anaphalis Spp.</i>) Di Kawasan Sekitar Danau Toba (Edi <i>et al.</i> , 2020)	Metode yang digunakan adalah metode eksplorasi. Sampel diamati berdasarkan karakter morfologi serta faktor fisika-kimia lingkungan, seperti pH tanah, kelembapan, suhu udara, ketinggian, suhu tanah, dan struktur tanah	Berdasarkan analisis gerombol dengan perangkat lunak NTSYS, edelweis (<i>Anaphalis spp.</i>) di tiga lokasi penelitian (Gunung Pusuk Buhit, Bukit Sipiso-piso, Taman Eden) terbagi menjadi tiga kelompok dengan variasi morfologi rendah, nilai kesamaan 80%, dan seluruh sampel memiliki similaritas di atas 60%, menunjukkan masih dalam satu spesies. Faktor lingkungan menunjukkan pH tanah 6-8, kelembapan udara 70-76%, suhu udara 26-31°C, dan ketinggian 1234-1889 mdpl, dengan tekstur tanah lempung berpasir.	Penelitian tidak mendalami hubungan langsung antara variasi faktor fisika-kimia lingkungan dengan variasi morfologi yang ditemukan, yang dapat memberikan wawasan lebih mendalam tentang adaptasi edelweis terhadap lingkungannya.

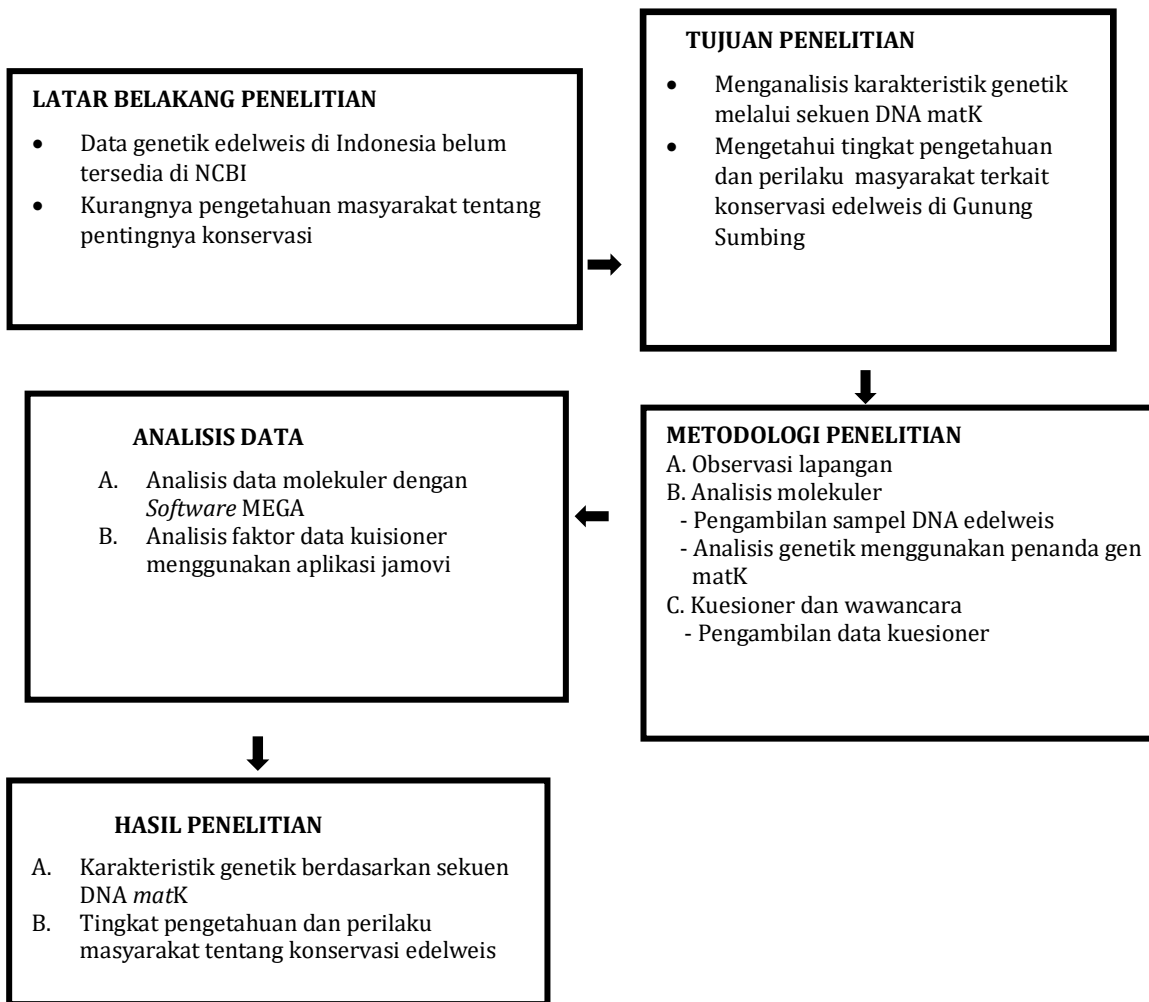
Tabel 2. 1 Lanjutan Kajian Penelitian yang Relevan

No.	Judul dan Penulis	Metode Penelitian	Hasil Penelitian	Gap Penelitian
9.	<i>Identification and documentation of wild plant species with ornamental potentials at Mount Prau, Central Java, Indonesia (Kuswanto et al., 2022)</i>	Semua spesimen difoto, dikoleksi, dan diidentifikasi untuk menilai nilai ornamentalnya, termasuk potensi sebagai tumbuhan hias berbunga, hias daun, dan pohon kecil. Daun dewasa dan bunga pada tahap mekar penuh digunakan untuk analisis morfologi, yang mengacu pada deskripsi flora Indo-China, British India, China, dan Semenanjung Melayu. Identifikasi ini dikonfirmasi oleh ahli taksonomi Herbarium Bogoriense, dan spesimen baru yang belum tercatat dilaporkan.	Hasil survei lapangan menemukan sebanyak 103 spesies yang mewakili 51 famili dan 95 genera telah diidentifikasi, mencakup pohon, semak, herba, dan liana. Penelitian ini juga menemukan bahwa di antara spesies tumbuhan yang ditemukan di Gunung Prau, 24 di antaranya memiliki karakter morfologi yang cocok untuk dikembangkan sebagai bunga hias, 12 sebagai tumbuhan hias daun, dan 63 spesies sebagai tumbuhan obat.	Meskipun diklaim sebagai data dasar, tidak disebutkan bagaimana data dari hasil penelitian ini dapat diterjemahkan ke dalam kebijakan konkret untuk pelestarian atau tata kelola Gunung Prau.
10.	Perspektif Taman Edelweis Sebagai Area Konservasi Ex-Situ Bunga Edelweis Secara Ekologi dan Ekonomi di Desa Wonokitri, Kabupaten Pasuruan. (Rahma et al., 2022)	Penelitian ini menggunakan data primer dengan jumlah responden sebanyak 100 responden yang diambil secara acak atau dengan <i>random sampling</i> . Pendekatan metode penilaian kontingen (CVM) digunakan untuk mengestimasi <i>willingness to pay</i> . Alat analisis yang digunakan dalam penelitian ini adalah regresi linier berganda dengan SPSS 22.	Berdasarkan analisis, nilai rata-rata <i>willingness to pay</i> per orang untuk satu rangkaian sederhana yang berisi 100 tangkai bunga Edelweis adalah Rp. 36.307,00, dengan total nilai <i>willingness to pay</i> sebesar Rp. 3.667.000,00. Faktor-faktor yang diduga mempengaruhi secara signifikan nilai <i>willingness to pay</i> untuk bunga edelweis hasil konservasi Ex-situ dari Kelompok Tani "Hulun Hyang" di Taman Nasional Bromo Tengger Semeru adalah pendidikan terakhir dan pendapatan per bulan.	Penelitian ini menyoroti <i>willingness to pay</i> dari wisatawan, tetapi tidak menjelaskan tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat umum mengenai pentingnya konservasi edelweis dan bagaimana hal ini memengaruhi keberhasilan program konservasi.

C. Kerangka Berpikir

Penelitian ini bertujuan untuk mengungkap karakteristik morfologis, genetik, dan konservasi edelweis (*Anaphalis* sp.) di Gunung Sumbing, yang memiliki peran penting sebagai tumbuhan endemik yang terancam oleh aktivitas manusia dan perubahan lingkungan. Pertama, analisis morfologis diperlukan untuk mendeskripsikan struktur fisik tumbuhan yang beradaptasi dengan kondisi ekologis gunung, sehingga dapat memberikan dasar bagi upaya perlindungan berbasis habitat. Selain itu, penelitian genetik melalui sekuen DNA *matK* berperan penting dalam mengidentifikasi keragaman genetik edelweis, yang mungkin berbeda dengan populasi dari gunung lainnya, dan membantu memperkaya literatur ilmiah mengenai spesies ini. Pengungkapan variasi genetik ini krusial untuk memahami potensi adaptasi edelweis terhadap ancaman lingkungan dan memastikan keberlanjutannya melalui pendekatan konservasi berbasis data ilmiah. Di sisi lain, tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat tentang konservasi edelweis, khususnya di Gunung Sumbing, perlu dieksplorasi untuk memahami tingkat kesadaran dan partisipasi lokal dalam melindungi spesies tersebut. Oleh karena itu, penelitian ini tidak hanya berfokus pada aspek biologis, tetapi juga pada keterlibatan masyarakat dalam menjaga kelestarian edelweis, dengan harapan dapat merumuskan strategi

konservasi yang efektif dan berkelanjutan, Kerangka berpikir tersebut disajikan dalam Gambar 2.7 di bawah ini.



Gambar 2.7 Bagan Kerangka Berpikir

BAB III

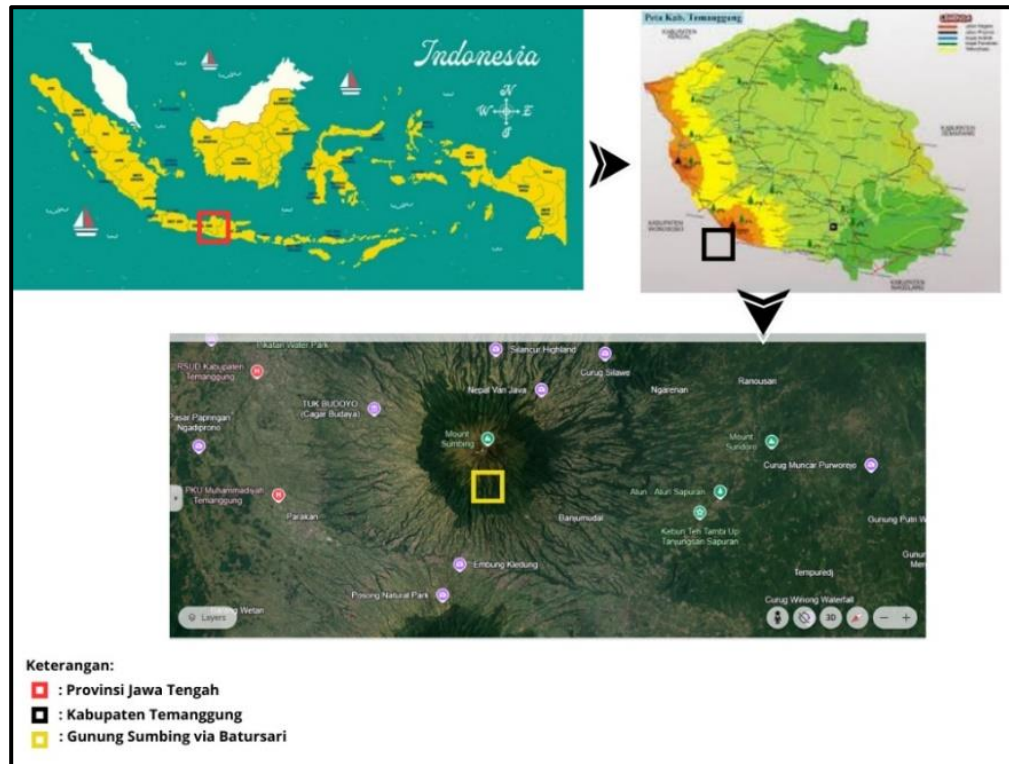
METODE PENELITIAN

A. Jenis Penelitian

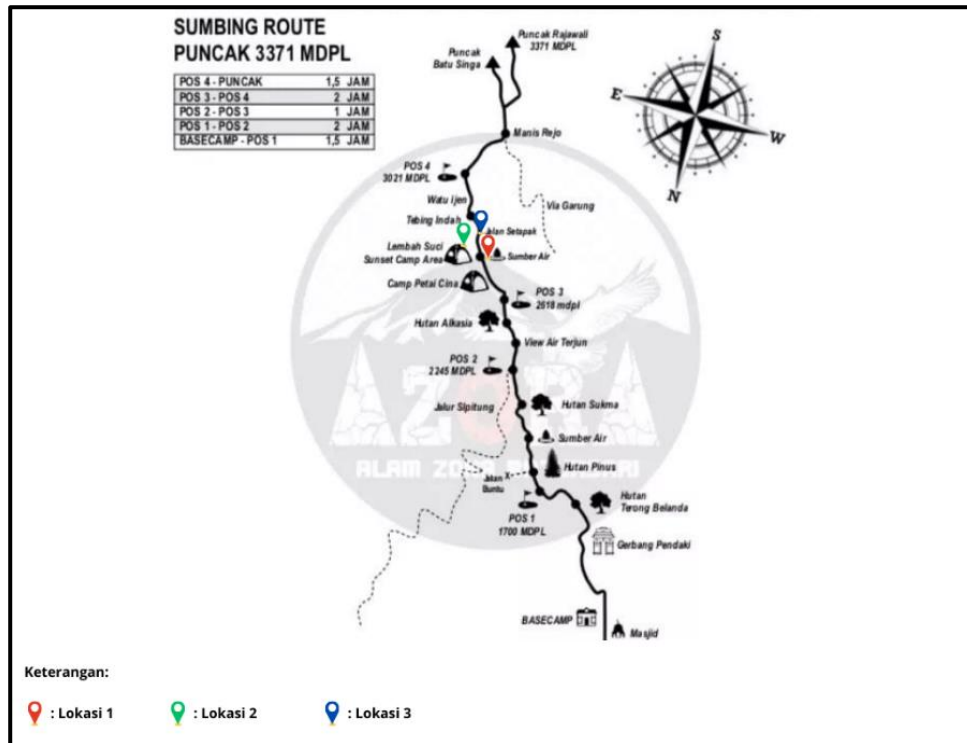
Penelitian ini menggunakan metode *mixed methods*, yaitu kombinasi antara pendekatan kuantitatif dan kualitatif. Pendekatan kuantitatif digunakan untuk menganalisis tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat setempat terkait upaya pelestarian. Pendekatan kualitatif digunakan untuk menganalisis karakteristik morfologis edelweis dan keragaman genetik edelweis melalui teknik DNA *barcoding* sekuen *matK*.

B. Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini telah dilaksanakan di Laboratorium Bioteknologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Walisongo, Semarang, pada bulan September sampai dengan Desember 2024. Pengambilan sampel daun edelweis dilakukan di pos 3 – area kamp Gunung Sumbing via Batusari, Desa Batusari, Kecamatan Kledung, Kabupaten Temanggung, Jawa Tengah. Peta lokasi pengambilan sampel disajikan pada Gambar 3.1 dan Gambar 3.2 di bawah ini.



Gambar 3. 1 Peta lokasi pengambilan sampel (Google Earth, 2024)



Gambar 3. 2. Peta Pendakian Gunung Sumbing Via Batusari

Sampel tumbuhan dikoleksi dari tiga titik lokasi yang berbeda dalam satu kawasan yang sama, yaitu di area sekitar jalur pendakian mulai dari pos 3 hingga area kamp Gunung Sumbing via Batusari yang berada pada ketinggian 2.400-2.600 MDPL.

C. Alat dan Bahan

Alat-alat yang digunakan dalam penelitian ini meliputi: *thermohygrometer*, soil pH meter, GPS (Garmen), luxmeter, altimeter, kamera, rak tube, mikropipet (Bio-Rad), vortex, *centrifuge* (Eppendorf), *Thermal Cyclor* (SimpliAmp), *microwave* SHARP, Kulkas, *Gel Doc Imager* (Bio-Rad), *spindown* (Bio-Rad), *spin column*, lumpang dan alu, cetakan elektroforesis), *UV tray*, labu Erlenmeyer 125 mL, gelas ukur 100 mL, spatula, gunting, dan neraca digital.

Bahan-bahan yang diperlukan dalam penelitian ini yaitu sampel segar daun edelweis, alkohol 70%, *Plant Genomic DNA kit* (TIANGEN), *DNA template edelweis*, *PCR Master Mix* (Powerpol), *microtube* ukuran 1,5 ml, primer *matK* (*forward* dan *reverse*) seperti yang dicantumkan dalam Tabel 3.1, ddH₂O, gel agarose, TBE buffer buffer 1X (Merck), *Gel Red* (Bio-Rad), *DNA Ladder* 1 kb (Promega).

Tabel 3. 1 Data primer yang digunakan

No.	Primer	Sekuen nukleotida 5'-3'
1.	matK-1RKIM-f	ACC CAG TCC ATC TGG AAA TCT TGG TTC (Ki-Joong Kim, pers. comm.)
2.	matK3FKIM-r	CGT ACA GTA CTT TTG TGT TTA CGA G (Ki-Joong Kim, pers. comm.)

D. Cara Kerja

1. Pengambilan sampel

Sampel yang dikoleksi adalah organ daun dari tumbuhan. Teknik pengambilan sampel daun yang digunakan untuk isolasi DNA yaitu *purposive sampling*. Daun yang dipilih yaitu bagian daun muda yang terletak pada urutan kedua hingga ketiga dari pucuk tumbuhan. Pemilihan bagian ini memudahkan penghancuran sampel daun dan isolasi DNA karena daun pada urutan tersebut memiliki sedikit senyawa pengganggu seperti polisakarida, fenol, atau metabolit sekunder yang sering ditemukan pada daun tua. Sebanyak 100 lembar daun dipilih untuk proses ekstraksi. Daun-daun tersebut dimasukkan ke dalam kantong teh yang diberi label nama spesies dan kode aksesori. Selanjutnya, sampel daun edelweis dimasukkan dengan hati-hati ke dalam kantong teh. Silika gel dimasukkan ke dalam plastik *ziplock*, kemudian kantong teh yang berisi sampel daun dimasukkan ke dalam plastik *ziplock* tersebut. Langkah terakhir, plastik *ziplock*

diberi label yang berisi kode sampel dan tanggal koleksi pada permukaannya.

2. Pengukuran Parameter Lingkungan

Parameter lingkungan yang diobservasi di tiga titik lokasi pengambilan sampel dilakukan pada siang hari dengan tiga kali pengulangan di setiap titik. Parameter yang diukur mencakup pH tanah yang diukur dengan pH meter, elevasi dan suhu udara yang diukur menggunakan altimeter, kelembaban udara yang diukur dengan thermohyrometer, dan intensitas cahaya yang diukur menggunakan lux meter.

3. Pengambilan Data untuk Upaya Konservasi Edelweis melalui Kuesioner

Kuesioner adalah Instrumen yang dirancang untuk memperoleh data melalui rangkaian pertanyaan, dengan maksud untuk mengukur variabel yang menjadi objek penelitian (Pandjaitan & Aripin, 2017). Jumlah minimum responden untuk kuesioner adalah setidaknya 30 orang. Dengan jumlah minimum 30 orang, distribusi nilai akan mendekati kurva normal (Singarimbun & Effendi, 1995). Kuesioner penelitian ini disebarakan secara daring menggunakan platform Google Forms kepada masyarakat Desa Batusari, yang berada di lereng Gunung Sumbing, serta kepada para pendaki Gunung Sumbing.

4. Pengamatan Morfologi

Pengamatan karakter morfologi untuk sampel *Anaphalis* sp. di Gunung Sumbing dilakukan menggunakan parameter organ vegetatif dan generatif. Delapan dari sembilan karakter yang dimati adalah karakter kualitatif yang meliputi perawakan, jenis batang, tekstur batang, arah pertumbuhan batang, bentuk daun, warna daun, bentuk bunga dan warna bunga seperti yang disajikan dalam Tabel 3.2. dilakukan analisis secara literatur menggunakan buku berjudul "*The Mountain Flora of Java*" (Steenis, 2010), pemilihan karakter sedangkan karakter kuantitatif berupa tinggi tumbuhan diukur dari pangkal batang hingga ujung bunganya menggunakan meteran.

Pemilihan sembilan karakter morfologi ini didasarkan pada referensi yang sering digunakan dalam penelitian-penelitian terdahulu, di mana karakter-karakter tersebut dianggap representatif dan relevan untuk menggambarkan variasi morfologi pada edelweis.

Tabel 3. 2 Karakter Morfologi *Anaphalis* sp.

No.	Karakter Morfologi	Sifat Karakter (<i>Anaphalis</i> sp.)
A.	Tinggi tumbuhan	
B.	Perawakan	
C.	Jenis batang	
D.	Tekstur batang	
E.	Arah pertumbuhan batang	
F.	Bentuk daun	
G.	Warna daun	
H.	Bentuk bunga	
I.	Warna bunga	

5. Isolasi DNA

a. Penggerusan Sampel

Tiga lembar daun edelweis dipotong menjadi bagian-bagian kecil dan ditimbang sebanyak 0,1 gram. Bagian-bagian daun tersebut kemudian ditempatkan dalam mortar dan dicampur dengan satu spatula pasir silika. Proses penghancuran dilakukan dengan alat penghancur hingga menghasilkan bubuk halus. Bubuk hasil penghancuran dimasukkan ke dalam tabung mikro 1,5 mL untuk dikumpulkan dan disimpan.

b. Isolasi DNA

Metode isolasi yang digunakan sesuai dengan buku panduan dari *Plant Genomic DNA kit* (TIANGEN). Sampel sebanyak 0,1 gram dimasukkan ke dalam tabung mikro 1,5 mL. Tabung sampel diaduk dengan 400 μ L Buffer GP1 atau GPX1 dan 5 μ L RNase A. Sampel diinkubasi pada suhu 65°C selama 20 menit, dengan tabung dibalik setiap 5 menit. Setelah menambahkan 100 μ L Buffer GP2, sampel diaduk dan diinkubasi di atas es atau di dalam *freezer* selama 3 menit. Kolom filter dimasukkan ke dalam *collection tube* 2 mL, dan campuran dipindahkan ke dalamnya. Kolom filter dilepas setelah disentrifugasi pada 15.000 x g selama satu menit, supernatan dipindahkan dari *collection tube* 2 mL ke tabung mikro 1,5 mL baru dengan hati-hati.

Sebanyak 750 μ L Buffer GP3 (termasuk isopropanol) dicampur dengan 500 μ L lisat dan di-*vortex* selama 5 detik. Kolom GD dimasukkan ke dalam *collection tube* 2 mL. Campuran 700 μ L, termasuk endapan yang tersisa, dipindahkan ke kolom GD dan disentrifugasi selama dua menit pada 15.000 x g. Filtrat dibuang dan kolom GD diletakkan kembali ke *collection tube* 2 mL. Campuran yang tersisa ditambahkan ke kolom GD dan disentrifugasi selama dua menit pada 15.000 x g.

Filtrat dibuang dan kolom GD diletakkan kembali ke *collection tube* 2 mL. Buffer W1 (400 μ L) ditambahkan ke kolom GD dan disentrifugasi pada 15.000 x g selama 30 detik. Filtrat dibuang dan kolom GD diletakkan kembali ke *collection tube* 2 mL. Setelah menambahkan etanol ke *wash buffer* 600 μ L, filtrat dibuang lagi, dan kolom GD disentrifugasi selama 30 detik pada 15.000 x g. Terakhir, untuk mengeringkan matriks, kolom GD disentrifugasi selama 3 menit pada 15.000 x g.

Kolom GD kering dipindahkan ke tabung mikro 1,5 mL yang bersih. Sebanyak 50 μ L buffer elusi (TE) ditambahkan ke bagian tengah matriks kolom. Kolom dibiarkan tegak selama 3-5 menit untuk memverifikasi bahwa semua buffer elusi atau TE telah diserap. Setelah itu, kolom disentrifugasi pada 15.000 x g selama 30 detik untuk mengekstraksi DNA murni.

6. Amplifikasi Sekuen matK

Prosedur PCR melibatkan penggunaan 2 μ L DNA *template* dari sampel edelweis, 25 μ L PCR *master mix*, 20 μ L ddH₂O, serta 1,5 μ L primer *forward* matK-1RKIM-f (5'-ACC CAG TCC ATC TGG AAA TCT TGG TTC -3') dan primer *reverse* matK3FKIM-r (5'-CGT ACA GTA CTT TTG TGT TTA CGA G-3') (Ki-Joong Kim, pers. comm.), *Thermal cycler* diatur untuk denaturasi awal selama dua menit, 35 siklus amplifikasi. Fase

denaturasi diatur pada suhu 95 °C dengan durasi 30 detik, siklus *annealing* pada suhu 52 °C dengan durasi satu menit, lalu fase ekstensi pada suhu 72 °C durasi 90 detik. Fase post-ekstensi diatur pada suhu 72 °C dengan durasi sepuluh menit (Rahalus *et al.*, 2015).

7. Elektroforesis

Tahap visualisasi DNA menggunakan proses elektroforesis yang memerlukan gel *agarose* 1%. Sebanyak 0,6 gram *agarose* ditimbang dan ditempatkan dalam labu erlenmeyer yang berisi 1X TBE 60 mL, kemudian diaduk dan dilarutkan dalam *microwave* selama 8-10 menit. Gel *agarose* dibiarkan dingin sebelum ditambahkan 2 µL *gel red* (10.000 X) dan diaduk. Selanjutnya, gel *agarose* dituang ke dalam cetakan yang dilengkapi sisir (untuk memastikan tidak ada gelembung) dan dibiarkan menjendal. Setelah menjendal, sisir diangkat secara perlahan lalu gel dipindahkan ke dalam *chamber*. Gel kemudian ditambah dengan larutan *buffer* TBE 1X hingga terendam.

Setelah gel dan larutan *buffer* siap, langkah selanjutnya yaitu sumuran pada gel diisi dengan 5 µl untuk larutan hasil PCR dan 3 µl untuk DNA *ladder* 1 kb. Prosedur elektroforesis dijalankan selama 30 menit pada tegangan 100 volt. Setelah elektroforesis, gel dipindahkan ke UV *tray* dan dianalisis dengan *Gel-Doc* BIO-RAD *EZ Imager*. Hasil visualisasi pita DNA

kemudian ditampilkan pada komputer yang terhubung dengan perangkat *Gel-Doc*.

8. *Sequencing* DNA

Proses *Sequencing* DNA dilakukan dari dua arah yaitu *forward* (arah 5' ke 3') dan *reverse* (arah 3' ke 5'). Proses sequencing ini dilakukan oleh 1st BASE Malaysia, dengan pengiriman sampel melalui jasa PT. Genetika Science Indonesia. Sampel tersebut akan dianalisis menggunakan teknik Sanger *sequencing*.

9. Analisis Data

a. Analisis Data Parameter Lingkungan

Data parameter lingkungan yang diperoleh akan dianalisis dengan uji *one- way* ANOVA menggunakan aplikasi SPSS versi 26 dengan tingkat kepercayaan 95% untuk melihat perbedaan yang signifikan dalam tiga titik pengambilan sampel (Chika, 2023).

b. Analisis Data Hasil Kuesioner

Data hasil kuesioner yang telah dikumpulkan kemudian dianalisis dengan pendekatan analisis faktor *eksploratori* (Chizanah & Hadjam, 2011) menggunakan aplikasi *jamovi* versi 2.3.28.

c. Analisis Data Morfologi

Data morfologi yang diperoleh dari hasil pengamatan di lapangan akan dianalisis menggunakan pendekatan deskriptif dengan buku acuan dari Steenis (2010) yang berjudul “*The Mountain Flora of Java*” serta didukung oleh studi secara literatur.

d. Analisis Data Molekuler

Hasil *sequencing* dikirimkan dalam format file AB1 yang didalamnya terdapat hasil berupa elektroferogram yang mencakup pembacaan dari dua arah yaitu *forward* dan *reverse*. Hasil tersebut kemudian dilakukan pengecekan terlebih dahulu untuk memastikan tidak ada *peak* dari basa nukleotida yang tumpang tindih yang biasanya ditandai dengan huruf n. Setelah memastikan kualitas grafik elektroferogram bagus kemudian dua hasil pembacaan tersebut disatukan menjadi satu konsensus melalui tahapan *contig* yang dihasilkan kemudian dibandingkan menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) di laman NCBI. Data hasil *blasting* yang memiliki kesamaan tinggi dengan sampel dianalisis lebih lanjut dalam pembentukan pohon filogenetik. Pohon filogenetik dikonstruksi dengan menggunakan perangkat lunak *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA) 11 (Kumar *et al.*, 2018). Analisis ini mencakup perhitungan

persentase kesamaan, kandungan GC, dan jarak genetik. Kesamaan antara 80-100% mengindikasikan bahwa spesies yang diteliti mungkin serupa atau identik. Hasil penjajaran urutan DNA dari wilayah *matK* selanjutnya digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetik dengan pendekatan jarak menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ). Proses analisis pohon filogenetik juga melibatkan uji *bootstrap* dengan 1000 pengulangan, dengan parameter yang diterapkan adalah model Tamura 3-parameter (*matK*) (Rohmaniyah, 2023).

BAB IV

HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

A. Deskripsi Hasil Penelitian

1. Data Pengambilan Sampel

Tumbuhan edelweis (*Anaphalis* sp.) yang digunakan dalam penelitian ini dikoleksi dari Gunung Sumbing, tepatnya di jalur pendakian via batusari di Desa Batusari, Kecamatan Kledung, Kabupaten Temanggung. Daun dari edelweis dikoleksi dari tiga titik berbeda, pemilihan titik sampel dilakukan secara acak berdasarkan keberadaan alami tumbuhan edelweis, sehingga mewakili variasi habitat yang berbeda. Titik 1 terletak di kordinat S 07 ° 22'01.89" E 110 ° 03'53.64" yang berada pada ketinggian 2.413 meter di atas permukaan laut (MDPL); titik 2 terletak di kordinat S 07° 22 '09.07"E 110° 03'56.99" pada ketinggian 2.519 MDPL; titik 3 terletak di kordinat S 07 ° 03'53.01" E 110 ° 03'53.01" pada ketinggian 2.549 MDPL.

Tabel 4.1 Data pengambilan sampel edelweis

Kode sampel	Lokasi (Pos)	Ketinggian	Kordinat
AJ 1	Sabana di atas pos 3	2.413 MDPL	S 07 ° 22'01.89" E 110 ° 03'53.64"
AJ 2	<i>camp area</i> lembah suci	2.519 MDPL	S 07 ° 22 '09.07"E 110° 03'56.99"
AJ 3	Jalan setapak di atas camp <i>area</i> lembah suci	2.549 MDPL	S 07 ° 03'53.01" E 110 ° 03'53.01"

2. Hasil Analisis Parameter Lingkungan

Hasil analisis parameter lingkungan untuk lokasi pengambilan sampel edelweis tersaji pada Tabel 4.1 di bawah ini.

Tabel 4.2 Hasil analisis parameter lingkungan

Jenis Paramater Lingkungan	Titik 1	Titik 2	Titik 3	p-value (sig.)
Ketinggian (MDPL)	2409.33 ±3.21	2519.0 ± 0.00	2550.0 ± 1.00	0.00
Tekanan udara	755.47÷0.25	745.07 ± 0.06	742.20 ± 0.00	0.00
Intensitas cahaya (Cd)	255.00 ± 24.33	453.0 ± 39.51	384.33 ± 4.04	0.00
Suhu tanah (°C)	20 ± 0.00	25 ± 1.73	25.33 ± 1.53	0.05
pH tanah	7 ± 0.00	7 ± 0.00	7 ± 0.00	-
Kelembapan udara (%)	10 ± 0.00	10 ± 0.00	5 ± 0.00	1,0
Suhu udara (°C)	30 ± 0.00	30 ± 0.00	32 ± 0.00	0,079 ^a

Keterangan:

± : Standar deviasi

Huruf a : tidak ada beda nyata secara statistik pada tingkat kepercayaan 95%

Hasil analisis parameter lingkungan dari tiga titik pengukuran pada Gunung Sumbing menggunakan *OneWay* ANOVA menunjukkan beberapa poin yang dapat dideskripsikan sebagai berikut:

1. Ketinggian

Nilai ketinggian di tiga titik pengukuran didapatkan hasil antara 2407 hingga 2551 MDPL. Ada perbedaan yang sangat signifikan, menurut hasil analisis *One-Way* ANOVA dengan taraf kepercayaan 95% ($\alpha = 0,05$), yang dilihat dengan angka signifikansi (Sig.). Hal ini disebabkan angka *p-value* (sig.) yang didapatkan yaitu 0,000 yang berarti angka tersebut kurang dari $\alpha=0,05$.

2. Tekanan Udara

Tekanan udara yang diukur berada dalam kisaran 742,2 hingga 755,7 mmHg di ketiga titik. Ada perbedaan yang sangat signifikan, menurut hasil analisis *One-Way* ANOVA dengan taraf kepercayaan 95% ($\alpha = 0,05$), yang dilihat dengan angka signifikansi (Sig.). Hal ini disebabkan angka *p-value* (sig.) yang didapatkan yaitu 0,000 yang berarti angka tersebut kurang dari $\alpha=0,05$.

3. Intensitas Cahaya

Intensitas cahaya menunjukkan variasi yang lebih besar, dengan rentang antara 239 hingga 493 lux. Ada perbedaan yang sangat signifikan, menurut hasil analisis *One-Way*

ANOVA dengan taraf kepercayaan 95% ($\alpha = 0,05$), yang dilihat dengan angka signifikansi (Sig.). Hal ini disebabkan angka p-value (sig.) yang didapatkan yaitu 0,000 yang berarti angka tersebut kurang dari $\alpha=0,05$.

4. Suhu Tanah

Suhu tanah bervariasi di antara titik-titik, dengan rentang antara 20 hingga 27°C. Ada perbedaan yang cukup signifikan, menurut hasil analisis *One-Way* ANOVA dengan taraf kepercayaan 95% ($\alpha = 0,05$), yang dilihat dengan angka signifikansi (Sig.). Hal ini disebabkan angka p-value (sig.) yang didapatkan yaitu 0,005 yang berarti angka tersebut kurang dari $\alpha=0,05$.

5. pH Tanah

Nilai pH tanah tetap konstan pada semua titik, yaitu 7. Karena data ini konstan, uji ANOVA tidak dapat dilakukan dan *p-value* tidak dapat dihitung.

6. Kelembapan Udara

Kelembapan udara diukur pada dua nilai tetap, yaitu 5 dan 10%. Dengan p-value sebesar 1.0, ini menunjukkan tidak ada variasi yang signifikan di antara titik pengukuran.

7. Suhu Udara

Suhu udara di ketiga titik berkisar antara 30 hingga 32°C. Hasil ANOVA dengan p-value sebesar 0.079 ($>\alpha=0,05$)

mengindikasikan bahwa tidak ada perbedaan signifikan dalam suhu udara di antara titik-titik pengukuran.

3. Hasil Karakterisasi Morfologi Edelweis

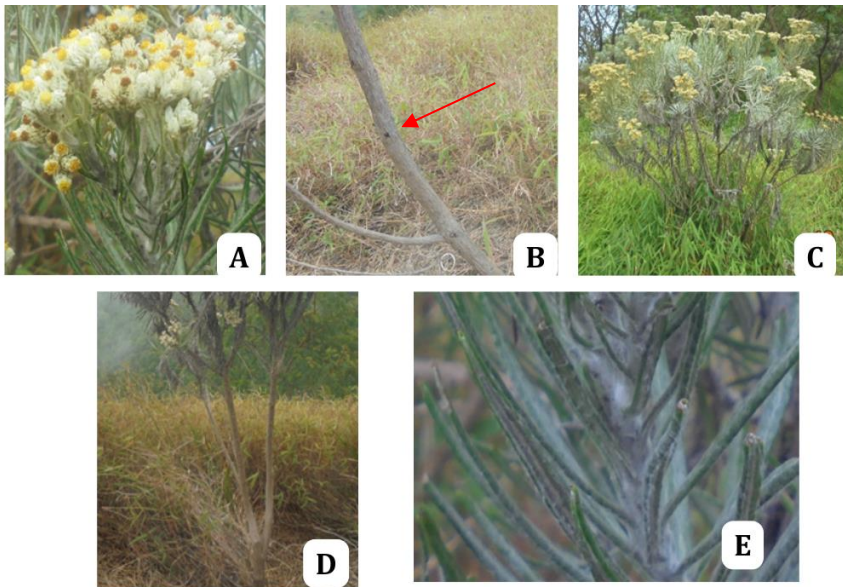
Tumbuhan edelweis yang ditemukan di tiga titik pengamatan memiliki karakter morfologi yang sama dengan spesies *Anaphalis javanica* dari sembilan karakter morfologi yang diamati menggunakan buku panduan “*The Mountain Flora of Java*” (Steenis, 2010). Adapun karakter morfologi yang berbeda hanya terdapat pada karakter kuantitatif yaitu tinggi tumbuhan. Pada titik 1 tumbuhan edelweis yang ditemukan memiliki tinggi 245 cm lalu pada titik 2 memiliki tinggi 59 cm dan pada titik 3 memiliki tinggi 245 cm. Karakter morfologi yang lain yaitu perawakan perdu, jenis batang berkayu, dan tekstur batang yang berlekah (seperti terkelupas) dan kasar yang konsisten di semua titik. Pertumbuhan batang di semua titik juga menunjukkan arah yang condong ke atas (*ascendens*), daun berbentuk lanset dan berwarna abu-abu kehijauan di seluruh lokasi menegaskan adaptasi terhadap kondisi kering dan berangin di ketinggian, lalu jenis bunga majemuk tipe capitulum yang terdiri dari sekumpulan bunga kecil yang tersusun rapat dalam struktur berbentuk tabung dengan warna putih yang seragam seperti yang dapat dilihat pada Gambar 4.1 (A). Karakter morfologi tumbuhan edelweis yang ditemukan di

Gunung Sumbing pada penelitian ini disajikan pada Tabel 4.2 di bawah ini.

Tabel 4. 3 Karakter Morfologi *A. javanica*

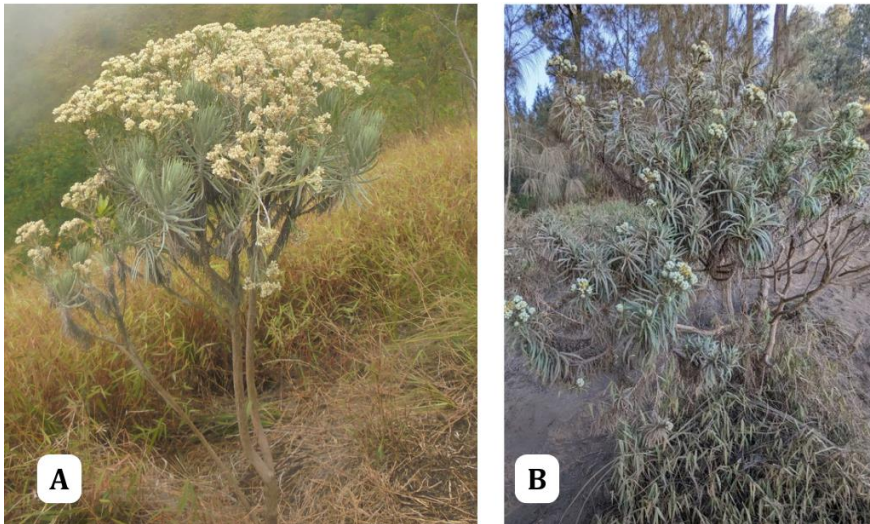
No	Parameter	Deskripsi		
		Titik 1	Titik 2	Titik 3
1.	Tinggi tumbuhan	245 cm	59 cm	245 cm
2.	Perawakan	Perdu	Perdu	Perdu
3.	Jenis batang	Berkayu	Berkayu	Berkayu
4.	Tekstur batang	Berlekah kasar	Berlekah kasar	Berlekah kasar
5.	Arah pertumbuhan batang	Condong ke atas (<i>ascendens</i>)	Condong ke atas (<i>ascendens</i>)	Condong ke atas (<i>ascendens</i>)
6.	Bentuk daun	Lanset	Lanset	Lanset
7.	Warna daun	Kelabu kehijauan	Kelabu kehijauan	Kelabu kehijauan
8.	Bentuk bunga	Capitulum (bunga kepala)	Capitulum (bunga kepala)	Capitulum (bunga kepala)
9.	Warna bunga tabung	Putih	Putih	Putih

Adapun karakter morfologi *A. javanica* yang ditemukan di Gunung Sumbing disajikan dalam Gambar 4.1 di bawah ini.



Gambar 4. 1 Morfologi *A. javanica* Sch.Bip. di Jalur Pendakian Gunung Sumbing (A) Tipe bunga (B) Jenis batang (C) Perawakan (D) Arah tumbuh batang/percabangan (E) Bentuk daun

Perbandingan edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) yang ditemukan di Gunung Sumbing dengan salah satu spesies dari genus *Anaphalis* yang lain yaitu *A. longifolia* dapat dilihat pada Gambar 4.2 di bawah ini.

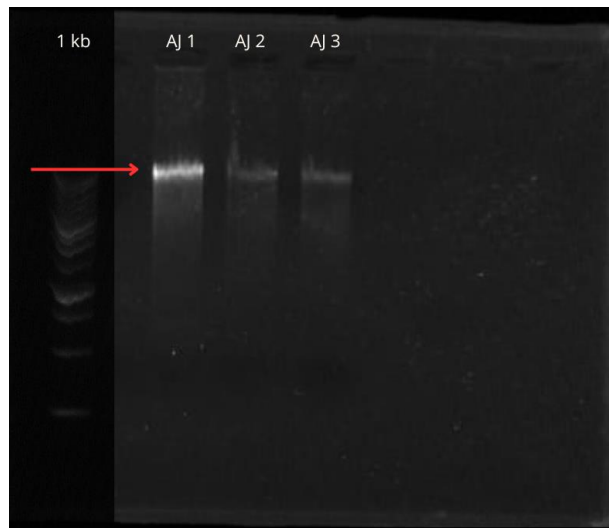


Gambar 4.2 (A) *A. javanica* Gunung Sumbing (Dokumentasi penelitian, 2024), (B) *A. longifolia* (ITIS.gov, 2024)

4. Hasil Karakterisasi Genetik Edelweis

a. Visualisasi DNA *A. javanica* Sch.Bip.

Sampel DNA *A. javanica* yang telah diisolasi menggunakan panduan dari *Plant Genomic DNA kit* (TIANGEN) kemudian divisualisasi menggunakan elektroforesis gel *agarose* konsentrasi 1%. Hasil visualisasi DNA dapat dilihat pada Gambar 4.2 di bawah ini. Ketiga sampel menunjukkan pita yang cukup baik, sampel hasil isolasi DNA terlihat memiliki pita yang tebal yang ditunjukkan oleh tanda panah pada Gambar 4.3 dengan sedikit *smear*.

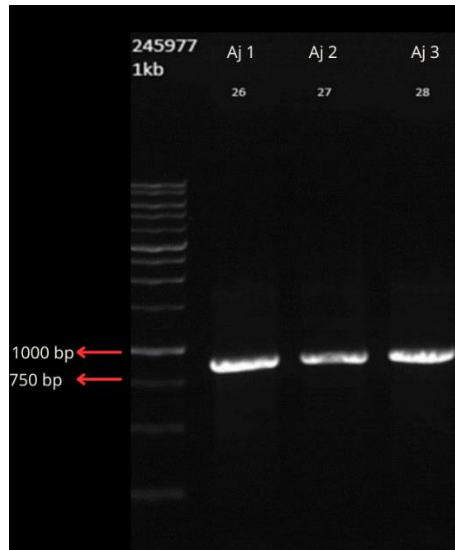


Gambar 4.3 Visualisasi hasil isolasi DNA *A. javanica*

b. Karakterisasi Sekuen *matK*

1) Amplifikasi DNA *A. javanica* Sch.Bip.

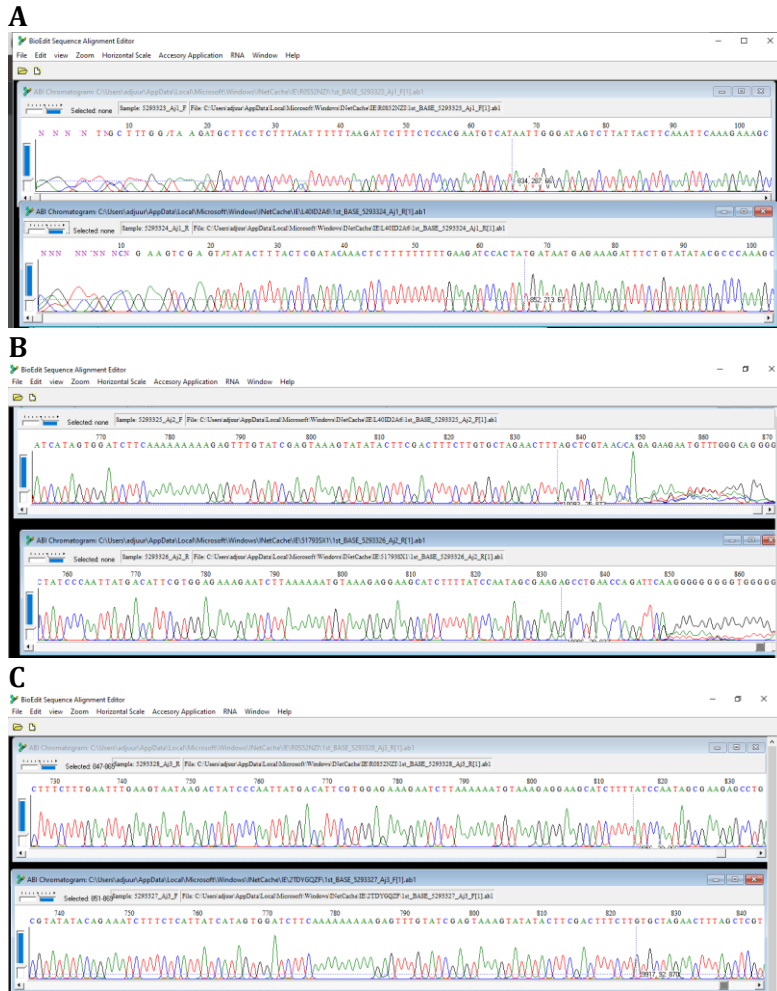
Ketiga sampel yang terlihat pada visualisasi hasil isolasi kemudian dilanjutkan ke tahap amplifikasi menggunakan primer *matK* (Ki-Joong Kim, pers. com) dan divisualisasi kembali menggunakan elektroforesis gel *agarose*. Hasil visualisasi dari sampel menunjukkan pita DNA tunggal yang berpendar dan tebal. Pita DNA yang berhasil tervisualisasi berada pada kisaran panjang 750-1.000 bp yang dapat dilihat pada Gambar 4.4.



Gambar 4.4 Amplifikasi pita DNA *A. javanica* sekuen *matK*

2) Elektroferogram sekuen *matK*

Hasil sekuensing sampel *A. javanica* dikirimkan oleh 1st BASE dalam format file AB1 yang di dalamnya terdapat hasil pembacaan dari dua arah yaitu *forward* dan *reverse* yang berbentuk grafik elektroferogram yang dapat dilihat pada Gambar 4.5.



Gambar 4.5 (A) Elektroferogram AJ1, (B) Elektroferogram AJ2, (C) Elektroferogram AJ3

Elektroferogram tersebut memiliki empat jenis warna yang mewakili tiap basa nukleotida yang dibaca yaitu merah untuk timin (T), biru untuk sitosin (C), hijau untuk adenin (A), dan hitam untuk guanin (G). Gambar 4.4 di atas menunjukkan elektroferogram dari ketiga sampel *A. javanica* memiliki kualitas yang baik, yang ditunjukkan dengan *peak-peak* dari basa nukleotida yang dihasilkan tinggi dan tidak saling tumpang tindih. Data elektroferogram ketiga sampel sebelum dilakukan proses *contig* menunjukkan panjang sekuen masing-masing sampel yaitu AJ1F memiliki panjang 870 bp dan AJ1R 867 bp; AJ2F memiliki panjang 871 bp dan AJ2R 870 bp; serta AJ3F memiliki panjang 869 bp dan AJ3R 865 bp.

Data grafik elektroferogram dari dua arah pembacaan tersebut harus dilakukan pengecekan terlebih dahulu untuk memastikan tidak ada *peak* dari basa nukleotida yang tumpang tindih yang biasanya ditandai dengan huruf n. Setelah memastikan kualitas grafik elektroferogram bagus kemudian dua hasil pembacaan tersebut disatukan menjadi satu konsensus melalui tahapan *contig*. Panjang sekuen sampel setelah *contig* pada sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp. Dengan hasil

contig tersebut baru kemudian dapat dilanjutkan ke tahap selanjutnya yaitu tahap *blasting*.

3) Hasil BLAST

Tahapan selanjutnya yaitu melakukan BLASTn untuk tiga sekuen *A. javanica* hasil *contig* di laman NCBI (Lampiran 6) yang bertujuan untuk mencari sekuen-sekuen yang homolog dengan sekuen sampel. Dari hasil BLAST tersebut muncul 100 sekuen yang memiliki karakter sekuen yang paling mirip dengan sampel. Dari 100 sekuen tersebut kemudian dipilih dan diunduh 10 sekuen dengan beberapa pertimbangan yaitu memprioritaskan sekuen dari genus yang sama dengan sampel, *E-value* yang rendah serta *percent identity* dan *query cover* yang tinggi.

Berdasarkan data yang disajikan pada Tabel 4.3 di bawah ini, 10 sekuen hasil BLASTn menunjukkan hasil yang seragam yaitu memiliki *E-value* 0,0, *percent identity* 99,76% dan *query cover* 100%.

Tabel 4.4 Daftar sekuen pembanding hasil BLATn

Nama Spesies	Kode Akses	Percent Identity	E. Value	Query Cover
<i>Anaphalis racemifera</i>	NC_087942.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis roseoalba</i>	NC_087944.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis subdecurrens</i>	NC_087948.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis contorta</i>	NC_087923.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis triplinervis</i>	NC_087954.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis virgata</i>	OR727249.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis cavei</i>	NC_087920.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis busua</i>	NC_087919.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis contorta</i>	OR727210.1	99,76 %	0,0	100%
<i>Anaphalis margaritacea</i>	OR727227.1	99,76 %	0,0	100%

4) Multiple Sequence Alignment (MSA)

Sekuen hasil BLAST yang telah dipilih sejumlah 10 sekuen spesies dari genus *Anaphalis*, tiga sekuen sampel *A. javanica* Sch.Bip., dan satu spesies sebagai *outgroup* dari genus *Helianthus*, yang masih termasuk dalam famili Asteraceae yaitu *Helianthus annuus*. *Outgroup* tersebut dipilih karena telah digunakan dalam penelitian (Prasetya *et al.*, 2020) yang

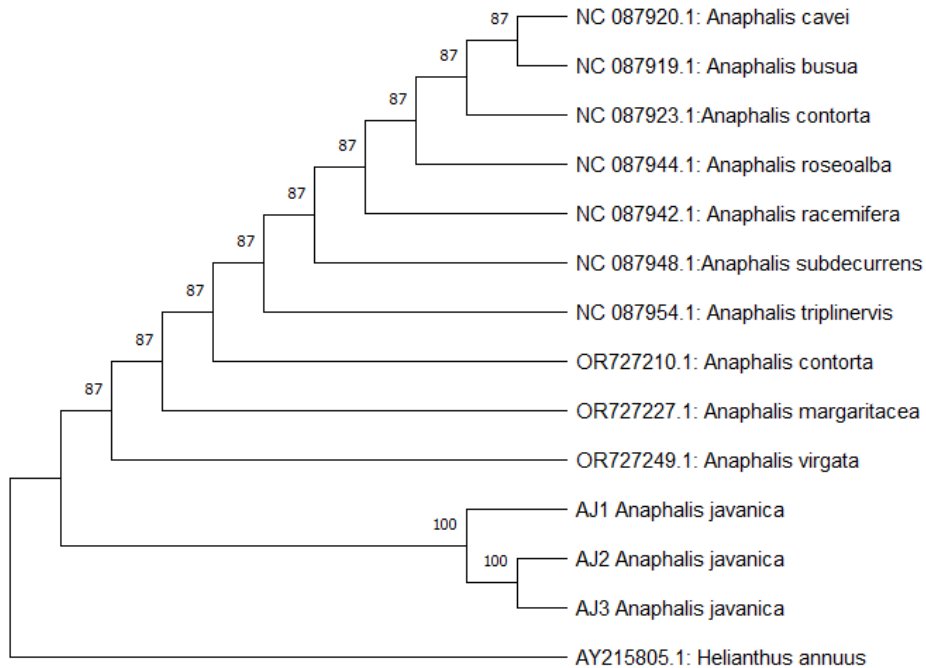
menunjukkan bahwa *Helianthus annuus* merupakan *outgroup* yang relevan untuk genus *Anaphalis*.

Kemudian analisis dilanjutkan ke tahap *Multiple Sequen Alignment* (MSA) untuk melihat persamaan dan variasi yang terdapat pada sekuen sampel dengan sekuen pembanding yang didapat dari proses BLAST.

Hasil *alignment* dari semua sekuen memiliki panjang rata-rata 1184 bp, sekuen dengan ukuran paling panjang yaitu 10 sekuen genus *Anaphalis* dari hasil BLAST yang memiliki ukuran seragam yaitu 1.533 bp dan sekuen yang memiliki ukuran paling pendek yaitu sekuen AJ 3 yang memiliki panjang 849 bp.

5) Rekonstruksi pohon filogenetik

Pohon filogenetik yang direkonstruksi menggunakan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA), uji *bootstrap* dengan 1000 pengulangan dan model Tamura 3-parameter dapat dilihat pada Gambar 4.5 di bawah ini.



Gambar 4.6 Hasil rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode UPGMA model Tamura 3-parameter

6) Karakteristik dan Komposisi nukleotida

Hasil *alignment* menggunakan *Clustal W* di aplikasi MEGA 11 menunjukkan bahwa terdapat 1533 karakteristik yang dapat diamati, terdapat 1450 karakteristik *conserved sites*, 83 *variabel characteristic sites*, dan 5 *parsimonial informative (Pi) sites* yang disajikan dalam Tabel 4.4 berikut.

Tabel 4.4 Karakteristik sekuen hasil *alignment*

Parameter	Total bp	Persentase
<i>Conserved bp</i>	1450/1533	94%
<i>Variabel bp</i>	83/1533	5%
<i>Parsimonial informative (Pi)</i>	5/1533	0,3%

Komposisi nukleotida digunakan untuk menganalisis tingkat kemiripan antar spesies dengan mempertimbangkan laju mutasi dan evolusi. Komposisi nukleotida terdiri dari empat jenis basa, yaitu Adenin (A), Guanin (G), Timin (T) atau Urasil (U) (pada RNA), dan Sitosin (C) yang dapat dilihat pada Tabel 4.4. Hasil analisis komposisi nukleotida dari sekuens DNA spesies *A. javanica* sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp, kemudian hasil analisis komposisi nukleotida dari tiga sekuen

DNA spesies *Anaphalis javanica* Sch.Bip., AJ1 dan AJ2 menunjukkan distribusi yang sama yaitu T: 36,5%, C: 17,5%, A: 29,1% dan G:16,8%, sedangkan AJ3 memiliki distribusi T: 36,6%, C: 17,6%, A: 29% dan G:16,8%.

Tabel 4.5 Komposisi nukleotida

Nama Spesies	Komposisi nukleotida (%)				Total (bp)
	T	C	A	G	
AJ1 <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.	36.5	17.5	29.1	16.8	851
AJ2 <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.	36.5	17.5	29.1	16.8	851
AJ3 <i>Anaphalis javanica</i> Sch.Bip.	36.6	17.6	29.0	16.8	849
OR727249.1: <i>Anaphalis virgata</i>	36.8	16.2	30.2	16.8	1533
OR727227.1: <i>Anaphalis margaritacea</i>	36.9	16.2	30.2	16.7	1533
OR727210.1: <i>Anaphalis contorta</i>	36.9	16.2	30.2	16.7	1533
NC 087954.1: <i>Anaphalis triplinervis</i>	36.8	16.2	30.2	16.8	1533
NC 087948.1: <i>Anaphalis subdecurrens</i>	36.8	16.2	30.2	16.8	1533
NC 087942.1: <i>Anaphalis racemifera</i>	36.9	16.2	30.2	16.7	1533
NC 087944.1: <i>Anaphalis roseoalba</i>	36.8	16.2	30.2	16.8	1533
NC 087920.1: <i>Anaphalis cavei</i>	36.7	16.2	30.2	16.8	1533
NC 087919.1: <i>Anaphalis busua</i>	36.7	16.2	30.2	16.8	1533
AY215805.1: <i>Helianthus annuus</i>	36.9	16.6	29.5	17.0	1506

7) Jarak genetik *A. javanica* Sch.Bip.

Distribusi jarak genetik dapat dilihat pada Tabel 4.6 di bawah. Tabel tersebut menunjukkan bahwa ketiga spesies *A. javanica* ini memiliki hubungan kekerabatan yang dekat satu sama lain, dengan nilai jarak genetik yaitu 0,000. Nilai tersebut mencerminkan keseragaman genetik, yang mengindikasikan tidak ada pemisahan evolusi yang relatif baru di antara ketiga sampel tersebut. Jarak genetik *A. javanica* dengan 10 spesies dari genus *Anaphalis* memiliki yang memiliki nilai yang relatif kecil yaitu pada rentang 0,00235-0,00236. Jarak genetik paling jauh yaitu *Helianthus annuus* yaitu sebesar 0,0667. Besarnya nilai jarak genetik tersebut karena *Helianthus annuus* merupakan *outgroup* yang berasal dari genus yang berbeda.

Tabel 4.6 Jarak genetik *A.javanica* dengan sekuen lain hasil BLASTn

	<i>Anaphalis_virgata</i>	<i>Anaphalis_margaritacea</i>	<i>Anaphalis_contorta</i>	<i>Anaphalis_triplinervis</i>	<i>Anaphalis_subdecurrens</i>
<i>Anaphalis_virgata</i>					
<i>Anaphalis_margaritacea</i>	0.00196				
<i>Anaphalis_contorta</i>	0.00131	0.00065			
<i>Anaphalis_triplinervis</i>	0.00000	0.00196	0.00131		
<i>Anaphalis_subdecurrens</i>	0.00000	0.00196	0.00131	0.00000	
<i>Anaphalis_racemifera</i>	0.00131	0.00065	0.00000	0.00131	0.00131
<i>Anaphalis_roseoalba</i>	0.00000	0.00196	0.00131	0.00000	0.00000
<i>Anaphalis_contorta</i>	0.00065	0.00261	0.00196	0.00065	0.00065
<i>Anaphalis_cavei</i>	0.00065	0.00261	0.00196	0.00065	0.00065
<i>Anaphalis_busua</i>	0.00065	0.00261	0.00196	0.00065	0.00065
<i>Helianthus_annuus</i>	0.05391	0.05608	0.05535	0.05391	0.05391
AJ1	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235
AJ2	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235
AJ3	0.00236	0.00236	0.00236	0.00236	0.00236

<i>_Anaphalis_race</i>	<i>Anaphalis_ros</i>	<i>Anaphalis_co</i>	<i>Anaphalis_cavei</i>	<i>Anaphalis_busua</i>	<i>Helianthus_a</i>	<i>AJ1</i>	<i>AJ2</i>
<i>mifera</i>	<i>eoalba</i>	<i>ntorta</i>			<i>nnuus</i>		
0.00131							
0.00196	0.00065						
0.00196	0.00065	0.00000					
0.00196	0.00065	0.00000	0.00000				
0.05535	0.05391	0.05462	0.05462	0.05462			
0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.06674		
0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.00235	0.06674	0.00000	
0.00236	0.00236	0.00236	0.00236	0.00236	0.06691	0.00000	0.00000

5. Hasil Analisis Tingkat Pengetahuan dan Perilaku Masyarakat Terhadap Konservasi Edelweis

a. Data dan Uji Validitas Konstruk

Uji Bartlett digunakan untuk menguji hipotesis bahwa matriks korelasi adalah matriks identitas, yang berarti bahwa tidak ada korelasi antar variabel. Pada hasil ini, nilai signifikansi dari uji Bartlett pada Lampiran 2 adalah 0,001 yang berarti < 0.05 , yang menunjukkan bahwa terdapat korelasi antar variabel, sehingga data ini layak untuk analisis faktor.

Selanjutnya ada Nilai KMO yang digunakan untuk menunjukkan kecukupan sampel untuk analisis faktor. Nilai KMO *overall* pada Lampiran 3 sebesar 0,703 ($>0,5$) menunjukkan bahwa data memiliki kecukupan sampel yang baik untuk analisis faktor. Nilai ini mengindikasikan bahwa pola korelasi cukup padat, sehingga analisis faktor dapat memberikan hasil yang berarti.

b. Uji Reliabilitas

Uji reliabilitas yang dapat dilihat pada Lampiran 4 digunakan untuk mengukur konsistensi internal dari item-item dalam satu faktor atau dimensi. Nilai Cronbach's Alpha sebesar 0,791 menunjukkan tingkat reliabilitas yang sangat baik, dengan nilai $> 0,7$ yang umum dianggap sebagai batas reliabilitas yang dapat diterima. Hal ini menunjukkan

bahwa item-item pada faktor tersebut memiliki konsistensi internal yang kuat dan dapat dipercaya dalam mengukur konsep yang sama.

c. Penentuan Jumlah Faktor

Penentuan jumlah faktor dilakukan dengan melihat hasil ekstraksi dan rotasi faktor analisis. Tabel 4.5 di bawah ini menunjukkan varians yang dijelaskan oleh setiap faktor dan *loading item* setelah rotasi. Faktor pertama menjelaskan varian terbesar, yaitu 28,7%, diikuti oleh faktor kedua sebesar 24,7%, dan faktor ketiga sebesar 14%, sehingga total varians yang dijelaskan oleh ketiga faktor ini adalah 67,4%. Nilai ini menunjukkan bahwa ketiga faktor ini cukup untuk mewakili sebagian besar informasi dalam data.

Tabel 4.5 Hasil ekstraksi faktor

Factor Statistics			
Summary			
Factor	SS Loadings	% of Variance	Cumulative %
1	2.87	28.7	28.7
2	2.47	24.7	53.4
3	1.40	14.0	67.5

Hasil rotasi faktor pada Tabel 4.6 menunjukkan bahwa tiga faktor utama terbentuk, yang masing-masing terdiri dari 2-5 variabel dengan *loading* yang cukup tinggi. Faktor pertama, yang berkaitan dengan pengetahuan status konservasi edelweis, terdiri dari lima variabel dengan *loading* lebih dari 0.6, yaitu "Pengetahuan 1" (0.776), "Pengetahuan 2" (0.791), "Sumber informasi" (0.716), "Pengetahuan 3" (0.682), "Pengetahuan 4" (0.767). Faktor kedua, yang menggambarkan perilaku terhadap konservasi, terdiri dari tiga variabel yang memiliki *loading* tinggi, yakni "Pengalaman kegiatan konservasi 1" (0.895), "Pengalaman kegiatan konservasi 2" (1.002), dan "Pengalaman kegiatan konservasi 3" (0.749). Faktor ketiga, yang terkait dengan saran dan harapan terhadap konservasi edelweis, terdiri dari dua variabel, yaitu "saran 1" (0.993) dan "Harapan" (0.586). Hasil rotasi ini mengonfirmasi bahwa faktor-faktor yang terbentuk memiliki konsistensi internal yang baik dan memberikan gambaran yang jelas mengenai tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat terkait dengan upaya konservasi edelweis di Gunung Sumbing.

Tabel 4.6 Hasil rotasi faktor

Exploratory Factor Analysis				
Factor Loadings				
	Factor			Uniqueness
	1	2	3	
Pengetahuan (1)	0.776			0.3312
Pengetahuan (2)	0.791			0.3205
Sumber Informasi	0.716			0.4711
Pengetahuan (3)	0.682			0.5208
Pengetahuan (4)	0.767			0.4120
Pengalaman kegiatan konservasi		0.895		0.1726
Pengalaman kegiatan konservasi (2)		1.002		0.0228
Pengalaman kegiatan konservasi (3)		0.749		0.3888
Saran 1			0.993	0.0502
Harapan			0.586	0.5643

Note. 'Maximum likelihood' extraction method was used in combination with a 'promax' rotation

nilai *loading* > 0,5 : signifikan

d. Penamaan Faktor yang terbentuk

Berdasarkan hasil rotasi faktor, tiga faktor yang terbentuk diberi nama sesuai dengan karakteristik variabel yang dimiliki yang disajikan pada Tabel 4.7 di bawah. Faktor pertama, yang terdiri dari variabel-variabel terkait pengetahuan tentang status konservasi, jumlah spesies serta jenis sumber informasi edelweis, diberi nama “pengetahuan umum konservasi edelweis dan sumber informasi”. Faktor ini menggambarkan pemahaman masyarakat tentang pentingnya

edelweis dalam ekosistem dan lingkungannya. Faktor kedua, yang berisi variabel tentang partisipasi masyarakat dalam konservasi dan dukungan terhadap pembatasan akses, diberi nama “pengalaman kegiatan konservasi”. Hal ini mencerminkan kesiapan masyarakat untuk terlibat dalam upaya pelestarian edelweis. Faktor ketiga, yang melibatkan variabel terkait saran dan harapan yang mendukung kegiatan pelestarian edelweis, diberi nama “saran dan harapan”. Faktor ini menggambarkan bagaimana masyarakat memberikan kontribusi secara nyata, baik perilaku maupun ide-ide yang bisa bermanfaat praktis dan mendukung kegiatan konservasi, khususnya dalam konteks peningkatan upaya konservasi berkelanjutan. Penamaan faktor-faktor ini penting untuk memahami dimensi utama yang memengaruhi tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai upaya konservasi edelweis di Gunung Sumbing.

Tabel 4.7 Penamaan faktor yang terbentuk

Nama Faktor	% Variance	Item Pertanyaan	Factor Loading
Faktor 1 Pengetahuan Umum Tentang Konservasi Edelweis dan Sumber Informasi	28,7 %	Q1 Apakah Anda mengetahui bahwa di gunung sumbing ini terdapat tumbuhan yang masuk ke dalam daftar darurat konservasi?	0,776
		Q2 Jika ya, sebutkan nama tumbuhan tersebut (jika Anda tahu)	0,791
		Q3 Dari mana Anda mengetahui informasi tersebut?	0,716
		Q7 Apakah Anda pernah melihat tumbuhan yang terancam punah saat mendaki?	0,682
		Q8 Jika iya, Apa jenis tumbuhan tersebut?	0,767
Faktor 2 Pengalaman Terkait Kegiatan Konservasi	24,7%	Q12 Apakah Anda pernah ikut serta dalam kegiatan konservasi di gunung ini?	0,895
		Q13 Jika ya, jenis kegiatan konservasi apa yang pernah Anda ikuti?	1,002
		Q14 Seberapa sering Anda terlibat dalam kegiatan konservasi?	0,749
Faktor 3 Saran dan Harapan	14%	Q15 Apa saran Anda untuk meningkatkan upaya konservasi tumbuhan yang terancam punah di gunung ini?	0,993
		Q16 Apa harapan Anda terhadap pemerintah atau pihak terkait dalam menjaga kelestarian tumbuhan di sekitar gunung ini?	0,586

B. Pembahasan Hasil Penelitian

1. Hasil Analisis Parameter Lingkungan

Hasil analisis *One-Way* ANOVA pada tujuh parameter lingkungan di tiga titik pengambilan sampel tumbuhan edelweis di Gunung Sumbing menunjukkan bahwa empat parameter yang meliputi ketinggian, intensitas cahaya, tekanan udara, dan suhu tanah memiliki nilai signifikansi (*sig*) kurang dari 0,05, menunjukkan adanya perbedaan signifikan antar titik pengambilan sampel. Hal Ini mengindikasikan bahwa faktor ketinggian, yang memengaruhi intensitas cahaya dan tekanan udara, serta suhu tanah yang berubah seiring dengan perubahan elevasi, memiliki pengaruh yang signifikan terhadap kondisi lingkungan di daerah tersebut. Sebaliknya, nilai sig pH tanah, kelembapan udara, dan suhu udara semuanya memiliki nilai sig lebih dari 0,05 atau tidak ada perbedaan signifikan di antara titik-titik tersebut.

Penelitian terdahulu yang dilakukan Edi *et al.*, (2020) menunjukkan bahwa tumbuhan edelweis (*A.javanica* Sch.Bip.) dapat tumbuh optimal pada pH tanah antara 6-8, kelembapan udara 70-76%, suhu udara 26-31°C, suhu tanah 15-20°C, dan tekstur tanah lempung berpasir. Kondisi lingkungan ini memberikan gambaran tentang toleransi edelweis terhadap parameter fisik dan kimia tanah yang relatif spesifik, mengindikasikan juga bahwa faktor-faktor tersebut tidak

cukup bervariasi untuk memengaruhi pertumbuhan tumbuhan secara signifikan di lingkungan gunung ini.

Perbedaan nyata pada beberapa parameter lingkungan menunjukkan kemampuan adaptasi *A. javanica* terhadap kondisi ekstrem di pegunungan. Steenis (2010) menjelaskan bahwa *A. javanica* lebih sering tumbuh bergerombol di tanah yang minim unsur hara, seperti lereng berbatu atau area datar berpasir, terutama di lembah kawah yang aktif maupun tidak aktif. Sebaliknya, tumbuhan ini jarang ditemukan di area terbuka hutan pegunungan. Kurniawan (2013) mendukung pandangan ini dengan menyebutkan bahwa *A. javanica* hanya mampu hidup di zona hutan pegunungan dengan iklim ekstrem, tanah yang mengandung mineral vulkanik, unsur hara rendah, dan kecepatan angin tinggi.

Kondisi lingkungan yang penuh tantangan ini tidak hanya menjadi tempat tumbuh yang ideal, tetapi juga membentuk adaptasi unik *A. javanica* untuk bertahan. Pemahaman mendalam tentang adaptasi ini dapat memberikan wawasan penting dalam upaya konservasi dan pengelolaan habitatnya di masa depan.

2. Hasil Karakterisasi Morfologi Edelweis

Tumbuhan edelweis (*A. javanica*) yang diamati di tiga lokasi pengamatan menunjukkan kesamaan dalam sembilan

karakter morfologi yang diamati, kecuali pada satu karakter kuantitatif, yaitu tinggi tumbuhan. Perbedaan tinggi tumbuhan edelweis (*A. javanica*.) di tiga lokasi pengamatan dapat disebabkan oleh beberapa faktor seperti perbedaan usia tumbuhan, dimana tumbuhan yang lebih tua cenderung lebih tinggi; perbedaan ketinggian lokasi pengamatan, yang memengaruhi faktor lingkungan seperti suhu udara, intensitas cahaya matahari, dan kelembaban udara yang ditunjukkan oleh hasil analisis parameter lingkungan pada Tabel 4.2 di atas. Hasil tersebut sejalan dengan penelitian Afiani *et al.*, (2021) yang menyatakan bahwa perbedaan ketinggian tempat memengaruhi keanekaragaman dan karakteristik tumbuhan, dijelaskan oleh faktor lingkungan, termasuk suhu udara, kelembaban dan pH tanah. dan iklim mikro di lokasi tersebut.

Karakter morfologi *A. javanica* yang ditemukan di Gunung Sumbing memiliki perawakan perdu dengan cabang-cabang tumbuhan lebat dan sering kali berbentuk bengkok, mendukung pertumbuhan yang dapat mencapai hingga 4 meter, memiliki batang yang kokoh, berdiameter sebesar pergelangan tangan, dengan ranting-ranting yang dilapisi daun-daun yang mengering. Di bagian atas, terdapat daun-daun sempit yang berkumpul bersama bonggol-bonggol bunga putih yang melimpah, dimana bunga tabung berwarna kuning muncul. Daun tumbuhan ini tidak memiliki kelenjar yang

menyebabkan lengket, sehingga permukaannya tetap bersih dari debu atau partikel yang menempel. Karakteristik ini menunjukkan bagaimana *A. javanica* beradaptasi secara morfologis untuk bertahan di habitat ekstrem (Steenis, 2010).

A. javanica memiliki karakter morfologi yang sepintas mirip dengan *A. longifolia* seperti yang telah disajikan dalam Gambar 4.2 di atas. *A. longifolia* masih berada dalam satu genus yang sama dan juga tumbuh di beberapa gunung di Indonesia seperti Gunung Tengger, Gunung Bromo dan Gunung Salak (Steenis, 2010). *A. longifolia* mempunyai tinggi pada kisaran 50-100 cm, bercabang banyak dan batang berkayu, kedua spesies ini memiliki ukuran daun yang berbeda dimana *A. longifolia* memiliki ukuran yang lebih lebar serta jarak tumbuh daunnya lebih renggang, sekitar 1-4 cm per daun. Permukaan atas daun *A. longifolia* tidak memiliki bulu putih seperti yang terdapat pada *A. javanica*, namun pada bagian bawah daunnya terdapat bulu-bulu putih yang cukup rapat. Bunga majemuk pada tangkai hijau muda yang mempunyai mahkota luar berbentuk tabung berwarna putih dan mahkota dalam berwarna kuning (Ade *et al.*, 2019).

3. Hasil Karakterisasi Genetik Edelweiss

a. Analisis Visualisasi DNA *A. javanica* Sch.Bip.

DNA *A. javanica* telah diisolasi menggunakan *Plant Genomic DNA Kit* (TIANGEN) dan divisualisasi melalui elektroforesis gel *agarose* dengan konsentrasi 1%. Hasil visualisasi menunjukkan ketiga sampel menghasilkan pita DNA yang terlihat cukup baik. Sampel hasil isolasi DNA menunjukkan pita yang lebih tebal disertai sedikit *smear*. *Smear* terjadi akibat adanya kontaminasi dari materi lain, seperti polifenol, yang turut terisolasi selama proses ekstraksi (Mulyani *et al.*, 2011).

b. Karakterisasi Sekuen *matK*

1) Amplifikasi DNA *A. javanica* Sch.Bip.

Sampel hasil isolasi *A. javanica* berhasil diamplifikasi dengan baik menggunakan primer *matK* yang ditunjukkan dengan terbentuknya pita tunggal yang tebal dan berpendar pada ketiga sampel. Keberhasilan amplifikasi umumnya dipengaruhi oleh penyesuaian konsentrasi reagen, komposisi PCR dan kondisi mesin PCR dengan jenis sampel yang akan diamplifikasi (Ballantyne *et al.*, 2011).

Hasil amplifikasi menggunakan primer *matK* (Ki-Joong Kim, pers. comm.) pada spesies *A. javanica* menunjukkan panjang fragmen 750 – 1000 bp.

Panjang fragmen ini sesuai dengan data yang ditulis oleh (Prasetya et al., 2020), dimana sekuen *matK* yang diperoleh berada dalam kisaran 800–850 bp. Kesamaan ini mengindikasikan bahwa primer *matK* bekerja secara efektif dan spesifik dalam mengamplifikasi daerah target pada sampel *A. javanica* Sch.Bip.. Dengan demikian, hasil ini dapat mendukung validitas proses amplifikasi yang dilakukan serta menunjukkan bahwa sekuen tersebut sesuai dengan karakteristik umum gen *matK* pada tumbuhan.

2) Elektroferogram sekuen *matK*

Elektroferogram pada hasil sekuensing berfungsi untuk memvisualisasikan urutan basa DNA melalui *peak-peak* yang mewakili nukleotida A, T, G, dan C. Grafik ini membantu memastikan akurasi pembacaan sekuen dan mendeteksi potensi kesalahan atau sinyal ambigu dalam proses sekuensing. Elektroferogram dari hasil sekuensing yang baik ditandai dengan grafik yang memiliki *peak-peak* tinggi dan jelas serta saling terpisah. Sebaliknya, elektroferogram dengan hasil sekuensing yang buruk ditunjukkan oleh puncak yang landai atau tumpang tindih sehingga tidak terpisah dengan baik (Bangol et al., 2014).

Grafik elektroferogram dari tiga sampel *A. javanica* menunjukkan hasil yang baik karena memiliki *peak* yang tinggi dan terpisah dengan baik. Sebelum dilakukan proses *contig*, panjang sekuen masing-masing sampel yaitu AJ1F memiliki panjang 870 bp dan AJ1R 867 bp; AJ2F memiliki panjang 871 bp dan AJ2R 870 bp; serta AJ3F memiliki panjang 869 bp dan AJ3R 865 bp, namun setelah melalui tahapan *contig*, panjang sekuen pada sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp.

Contig sangat penting untuk dilakukan karena sebagian besar sekuen hasil sekuensing cenderung memiliki area yang tidak dapat terbaca, biasanya berada di sekitar lokasi pengikatan primer. Setelah elektroferogram dianalisis menggunakan perangkat lunak seperti *Bioedit*, MEGA dan perangkat lunak yang lain pengguna akan menghapus bagian sekuens primer, baik pada untai *forward* maupun *reversenya*. Proses ini bertujuan untuk menyisakan sekuen target asam nukleat (NA) dengan kualitas yang baik (Crossley *et al.*, 2020).

3) Analisis hasil BLAST

Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) adalah alat yang paling sering digunakan untuk menghitung

kesamaan urutan. BLAST tersedia dalam berbagai variasi untuk digunakan dengan urutan kueri yang berbeda terhadap basis data yang berbeda (Madden, 2002). Pada penelitian ini jenis BLAST yang digunakan yaitu BLASTn yang berfungsi untuk membandingkan sekuen nukleotida sampel (DNA) dengan sekuen nukleotida yang berada dalam basis data seperti NCBI untuk menemukan kesamaan atau homologi antar sekuen.

Hasil BLASTn *A. javanica* sekuen *matK* menghasilkan 100 sekuen yang mirip dengan sekuen sampel, lalu dipilih 10 sekuen yang tersaji pada Tabel 4.3 di atas yang menunjukkan 10 sekuen hasil BLASTn memiliki hasil yang seragam yaitu memiliki nilai *percent identity* 99,76%, *query cover* 100% dan *E-value* 0,0. Nilai *E-value* yang rendah tersebut menunjukkan tingkat kepercayaan yang lebih tinggi terhadap kesamaan atau kesesuaian antara sekuens yang dibandingkan (Madden, 2002).

4) Analisis *Multiple Alignment* sekuen

Alignment sekuen merupakan proses untuk memperkirakan posisi yang sesuai di antara serangkaian sekuen biologis. Proses ini umumnya didasarkan pada homologi, yakni kesamaan yang

berasal dari nenek moyang yang sama dalam sejarah evolusi dari sekuen-sekuen yang dianalisis. Menurut Katoh, (2021) *Alignment* yang terdiri dari dua sekuen disebut *pairwise sequence alignment* sedangkan *alignment* untuk tiga sekuen atau lebih disebut *multiple sequence alignment* (MSA).

Pada penelitian ini jenis *alignment* yang digunakan yaitu MSA karena sekuen yang dianalisis lebih dari tiga. Proses *alignment* dilakukan melalui program *Clustal W* di aplikasi MEGA 11. Sekuen-sekuen yang disejajarkan (dilakukan *alignment*) yaitu sejumlah 14 sekuen yang terdiri dari 10 sekuen dari genus *Anaphalis*, sekuen sampel *A. javanica* Sch.Bip., dan satu sekuen sebagai *outgroup* dari genus *Helianthus*, yang masih termasuk dalam famili Asteraceae yaitu *Helianthus annuus*.

Dalam analisis filogenetika, keberadaan *outgroup* sangat penting karena berfungsi untuk mempolarisasi karakter atau ciri-ciri tertentu. Polarisasi ini membedakan karakter menjadi apomorfik dan plesiomorfik. Karakter apomorfik adalah karakter yang mengalami perubahan dan diwariskan dalam kelompok *ingroup*, sedangkan karakter plesiomorfik merupakan karakter yang bersifat primitif atau lebih

awal muncul dalam evolusi yang terdapat pada *outgroup* (Hidayat *et al.*, 2008).

5) Analisis pohon filogenetik

Pohon filogenetik adalah bagan yang digunakan untuk menggambarkan hubungan evolusi di antara spesies atau organisme biologi yang konstruksinya didasarkan pada kesamaan atau perbedaan karakter fisik atau genetiknya (Wan & Che, 2013). Metode yang digunakan dalam rekonstruksi pohon filogenetik ini metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). UPGMA adalah algoritma klusterisasi yang membangun topologi pohon berakar secara bertahap. Algoritma ini mengasumsikan adanya jam molekuler dalam proses evolusi, yang berarti semua spesies dalam pohon filogenetik diasumsikan berevolusi dengan kecepatan yang sama. Asumsi ini menghasilkan pohon ultrametrik, di mana semua ujung cabang (yang mewakili spesies yang dikaji) memiliki jarak yang sama dari akar pohon.

Model yang digunakan dalam rekonstruksi pohon filogenetik ini yaitu model Tamura 3-parameter. Pemilihan model ini dikarenakan Tamura menunjukkan akurasi dan stabilitas yang lebih baik dalam kondisi tertentu, seperti dalam rekonstruksi

pohon filogenetik berbasis jarak menggunakan metode *Neighbor joining* (Yang & Zhang, 2008).

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik membentuk total enam *clade* utama, termasuk *outgroup*. Tiga sampel *A. Javanica* memisah dari 10 spesies *Anaphalis* yang lain, tiga sampel tersebut membentuk satu *clade* tersendiri yang memiliki *bootstrap value* 100, menunjukkan hubungan genetik yang sangat erat di antara sampel tersebut. *Clade* ini juga menunjukkan bahwa ketiga sampel *A. javanica* paling dekat secara evolusi dengan spesies *A. virgata* (OR727249.1) yang berada dalam *clade* ketiga.

Dari pohon filogenetik yang terbentuk dapat dilihat bahwa genus *Anaphalis* merupakan kelompok monofiletik. Monofiletik merujuk pada sekumpulan organisme yang mencakup nenek moyang bersama beserta seluruh keturunannya yang memiliki hubungan evolusi yang sangat dekat. Dalam analisis filogenetik, kelompok ini merepresentasikan cabang atau *clade* pada pohon evolusi, dimana semua anggota kelompok berbagi karakteristik yang diturunkan dari nenek moyang yang sama (Hidayat & Pancoro, 2006).

6) Analisis karakteristik dan komposisi nukleotida

Hasil *alignment* menggunakan *Clustal W* di aplikasi MEGA 11 yang telah dilakukan di tahap sebelumnya menunjukkan bahwa terdapat 1533 karakteristik yang dapat diamati, terdapat 1450 karakteristik (94%) *conserved sites*, 83 *variabel characteristic sites* (5%), dan 5 *parsimonial informative (Pi) sites* (0,3%).

Hasil tersebut menunjukkan 94% pasangan basa bersifat konservatif, menandakan stabilitas genetik yang tinggi. Stabilitas genetik dari suatu spesies dibentuk oleh beberapa hal, seperti mutasi, transposisi, dan seleksi alam, yang bersamaan membentuk evolusi (Viggiano & Marsano, 2023). Sementara itu, hanya 6% pasangan basa yang bersifat variabel, menunjukkan tingkat variasi genetik yang rendah antar individu. Nilai keragaman nukleotida (Pi) yang sangat kecil, yaitu 0,2%, memperkuat temuan ini, menunjukkan bahwa populasi edelweis relatif homogen secara genetik.

Komposisi nukleotida digunakan untuk memahami tingkat kemiripan antar spesies dengan menganalisis laju mutasi dan evolusinya (Rusydina, 2023). Hasil analisis komposisi nukleotida dari

sekuen DNA spesies *A. javanica* sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp, kemudian hasil analisis komposisi nukleotida dari tiga sekuen DNA spesies *Anaphalis javanica* Sch.Bip., AJ1 dan AJ2 menunjukkan distribusi yang sama yaitu T: 36,5%, C: 17,5%, A: 29,1% dan G:16,8%, sedangkan AJ3 memiliki distribusi T: 36,6%, C: 17,6%, A: 29% dan G:16,8%.

Hasil analisis di atas sesuai dengan hasil penelitian mengenai komposisi nukleotida edelweis (*A.longifolia*) menggunakan sekuen *matK* yang diperoleh Prasetya *et al.*, (2020) yaitu kandungan Adenin (A) dan Timin (T) lebih tinggi dibandingkan kandungan Guanin (G) dan Sitosin (C) pada famili *Asteraceae*.

Rendahnya persentase Guanin (G) dan Sitosin (C) dalam sekuen DNA suatu spesies dapat menunjukkan pola evolusi yang lebih *primitive* (Hapsari, 2017), karena spesies dengan dominasi Adenin (A) dan Timin (T) cenderung memiliki struktur genom yang lebih sederhana, yang mungkin mencerminkan keadaan evolusioner yang lebih awal.

7) Analisis jarak genetik

Jarak genetik digunakan untuk menggambarkan perbedaan genetik antara spesies yang berbeda atau antara populasi dalam satu spesies. Pengukuran jarak genetik dilakukan menggunakan berbagai parameter. Jarak genetik yang kecil menunjukkan hubungan genetik yang erat, sedangkan jarak genetik yang besar menandakan hubungan genetik yang lebih jauh (Serge, 2015).

Hasil analisis jarak genetik dari 14 sekuen hasil *alignment* yang ditampilkan pada Tabel 4.6 menunjukkan bahwa ketiga spesies *A. javanica* ini memiliki hubungan kekerabatan yang dekat satu sama lain, dengan nilai jarak genetik yaitu 0,000. Nilai tersebut mencerminkan keseragaman genetik, yang mengindikasikan tidak ada pemisahan evolusi yang relatif baru di antara ketiga sampel tersebut. Jarak genetik *A. javanica* dengan 10 spesies dari genus *Anaphalis* memiliki yang memiliki nilai yang relatif kecil yaitu pada rentang 0,00235-0,00236. Jarak genetik paling jauh yaitu *Helianthus annuus* yaitu sebesar 0,0667. Besarnya nilai jarak genetik tersebut karena *Helianthus annuus* merupakan *outgroup* yang berasal dari genus yang berbeda.

Hasil analisis jarak genetik mempunyai arti bahwa nilai matriks jarak genetik yang semakin rendah menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan genetik antar individu, populasi, atau spesies semakin dekat. Sebaliknya, nilai yang lebih tinggi mencerminkan hubungan kekerabatan yang lebih jauh (Nurkholidah, 2019). Hal ini terjadi karena nilai matriks jarak genetik dihitung berdasarkan perbedaan genetik, di mana semakin sedikit perbedaan yang ditemukan, semakin erat pula hubungan evolusioner atau kekerabatan genetik antara kelompok yang dibandingkan.

Berdasarkan hasil analisis *One-Way* ANOVA pada tujuh parameter lingkungan di tiga titik pengambilan sampel tumbuhan di Gunung Sumbing menunjukkan bahwa empat parameter yang meliputi ketinggian, intensitas cahaya, tekanan udara, dan suhu tanah memiliki nilai signifikansi (*sig*) kurang dari 0,05, menunjukkan adanya perbedaan signifikan antar titik pengambilan sampel. Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Pratama & Sugiharto, (2020) faktor lingkungan (abiotik) yang berbeda akan mempengaruhi karakter fenotip (morfologi) serta genotip (genetik) yang dimiliki suatu organisme.

Akan tetapi pada hasil analisis secara molekuler, analisis komposisi nukleotida dari tiga sekuen DNA spesies *A. javanica* menunjukkan distribusi yang sama. Begitu juga dengan hasil analisis secara morfologi, edelweis yang ditemukan di tiga titik pengamatan memiliki karakter morfologi yang sama dengan spesies *A. javanica* dari sembilan karakter yang diamati terkecuali pada tinggi tumbuhan.

Hasil tersebut mengindikasikan bahwa perbedaan nyata pada beberapa parameter lingkungan menunjukkan kemampuan adaptasi *A. javanica* terhadap kondisi lingkungan yang berbeda dan juga ekstrem di habitat pegunungan. Steenis (2010) menjelaskan bahwa *A. javanica* lebih sering tumbuh bergerombol di tanah yang minim unsur hara, seperti lereng berbatu atau area datar berpasir, terutama di lembah kawah yang aktif maupun tidak aktif.

4. Hasil Analisis Tingkat Pengetahuan dan Perilaku Masyarakat Terhadap Konservasi Edelweis

Pada penelitian ini sebanyak 38 responden yang terdiri dari masyarakat lokal dan pendaki Gunung Sumbing memberikan tanggapan terhadap kuesioner mengenai konservasi edelweis. Hasil menunjukkan bahwa 85% responden mengetahui edelweis sebagai tumbuhan yang dilindungi, namun hanya 40% yang memahami ancaman utama terhadapnya. Tingkat kesadaran akan pentingnya konservasi

cukup tinggi dengan skor rata-rata 4,3 dari skala 5, meskipun hanya 15% responden yang pernah terlibat langsung dalam kegiatan konservasi. Responden menyarankan peningkatan sosialisasi kepada masyarakat dan pendaki, pemasangan tanda informasi konservasi, serta pengadaan program edukasi dan penanaman pohon secara rutin. Responden juga berharap pemerintah memperketat penegakan hukum, menyediakan dana yang memadai, dan memperkuat kerja sama dengan berbagai pihak untuk melindungi habitat edelweis di Gunung Sumbing secara berkelanjutan.

a. Hasil analisis faktor

Hasil kuesioner dilanjutkan ke tahap analisis faktor. Analisis faktor merupakan salah satu jenis analisis data *interdependence techniques*, yaitu analisis data yang tidak terdapat variabel terikat ataupun variabel bebas, analisis jenis ini digunakan untuk menemukan hubungan (*interrelationship*) antar beberapa variabel yang saling independen satu dengan yang lain untuk dikelompokkan menjadi beberapa faktor yang berisi kumpulan variabel variabel yang berhubungan (Santoso, 2006).

Upaya pelestarian edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) di Gunung Sumbing tidak terlepas dari peran masyarakat lokal dan pendaki sebagai bagian dari ekosistem sosial di kawasan tersebut. Pemahaman dan perilaku mereka terhadap tumbuhan

ini menjadi aspek penting yang dapat memengaruhi keberhasilan program konservasi. Untuk menggali lebih dalam, analisis rotasi faktor dari data kuesioner dilakukan guna mengidentifikasi pola-pola utama yang membentuk cara pandang dan perilaku mereka terhadap edelweis.

Berdasarkan hasil rotasi faktor data hasil kuisisioner mengenai pengetahuan dan perilaku masyarakat lokal serta pendaki Gunung Sumbing mengenai konservasi tumbuhan edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) menghasilkan tiga faktor yang terbentuk dan telah diberi nama sesuai dengan karakteristik variabel yang dimiliki dengan total variansi sebesar 67,4% sementara sisanya sebesar 32,6% dipengaruhi oleh faktor-faktor lain yang tidak dibahas dalam penelitian ini. Adapun pembahasan ketiga faktor tersebut yaitu sebagai berikut:

1) Faktor pengetahuan umum tentang konservasi edelweis

Faktor pertama yaitu faktor pengetahuan umum yang memiliki nilai variansi paling tinggi yaitu 28,7%, faktor ini menggambarkan pemahaman masyarakat tentang pentingnya edelweis dalam ekosistem dan lingkungannya. Faktor ini dinilai sebagai faktor yang paling dominan dalam memengaruhi perilaku masyarakat terhadap keberadaan edelweis di Gunung Sumbing. Berbagai perilaku perusakan yang dilakukan oleh seseorang terhadap kelangsungan hidup edelweis dipengaruhi oleh

minimnya pengetahuan yang dimiliki terkait status konservasi tumbuhan edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) yang tertulis dalam Peraturan Menteri Lingkungan Hidup Dan Kehutanan Republik Indonesia Nomor P.20 tahun 2018 tentang jenis tumbuhan dan satwa yang dilindungi (KLHK, 2018).

Faktor pengetahuan umum ini mencakup item-item kuesioner yang berkaitan dengan pemahaman mendasar mengenai tumbuhan edelweis, seperti status konservasi, jenis-jenis edelweis serta sumber informasi masyarakat dan pendaki mengenai tumbuhan edelweis di Gunung Sumbing. Item-item yang memiliki *loading factor* tinggi pada faktor ini adalah “pengetahuan 2” (0,791), “pengetahuan 1” (0,776), “pengetahuan 4” (0,767), sumber informasi “ (0,716) dan “pengetahuan 3” (0,682). Faktor ini menunjukkan bahwa masyarakat memiliki pengetahuan tentang aspek-aspek ekologi yang relevan untuk konservasi edelweis. Tingginya *loading factor* pada item-item ini menunjukkan bahwa pemahaman umum yang dimiliki masyarakat memainkan peran signifikan dalam membentuk pandangan masyarakat mengenai pentingnya konservasi.

2) Faktor pengalaman kegiatan konservasi

Faktor kedua menjelaskan 24,7% dari total varians dan terdiri dari item-item yang menggambarkan perilaku dan perilaku masyarakat untuk berpartisipasi dalam kegiatan konservasi. Item dengan *loading factor* tertinggi meliputi “pengalaman kegiatan konservasi 2” (1,002), “pengalaman kegiatan konservasi 1” (0,896), dan “pengalaman kegiatan konservasi 3” (0,749).

Faktor ini menggambarkan perilaku positif masyarakat terhadap upaya konservasi edelweis. Nilai *loading* yang tinggi pada aspek partisipasi menunjukkan bahwa dukungan masyarakat terhadap upaya konservasi bisa menjadi komponen penting untuk keberlanjutan program konservasi di Gunung Sumbing. Menurut Lestari *et al.*, (2011), peran aktif masyarakat sangat penting dalam menjaga kelestarian ekosistem hutan dan ketersediaan air, karena kawasan hutan berbatasan langsung dengan wilayah permukiman, partisipasi masyarakat dalam pengelolaan kawasan ini menjadi kunci untuk mewujudkan pengelolaan hutan yang lestari dan berkelanjutan.

3) Faktor saran dan harapan

Faktor ketiga menjelaskan 14% dari total varians dan terdiri dari item-item kuesioner yang berfokus pada

masuk dan ekspektasi masyarakat terhadap kegiatan konservasi edelweis. Item yang memiliki *loading factor* tinggi dalam faktor ini adalah “saran untuk peningkatan program konservasi” (0,993) dan “harapan terhadap keterlibatan pemerintah dalam menjaga kelestarian edelweis” (0,586).

Faktor ini mengindikasikan adanya minat masyarakat untuk terlibat secara aktif dalam program konservasi serta harapan akan adanya peningkatan kualitas program tersebut. Masyarakat menyampaikan saran agar program konservasi lebih inklusif dan memberikan kesempatan kepada warga lokal untuk terlibat dalam pelatihan dan kegiatan edukatif mengenai edelweis. Nilai *loading* yang tinggi pada item-item ini menunjukkan bahwa masyarakat memiliki keinginan kuat untuk melihat program konservasi yang berkelanjutan dan memberdayakan.

Aspek saran dan harapan ini penting untuk dipertimbangkan dalam pengembangan kebijakan konservasi. Seperti yang dilakukan oleh warga Desa Wonokitri, Kecamatan Tosari, Kabupaten Pasuruan yang mendirikan Taman Edelweis yang dikembangkan sebagai sarana konservasi *ex situ* dan tempat percontohan budidaya bunga Pada tahun 2017. Warga desa ini membentuk kelompok tani bernama Hulun Hyang yang

berarti "Hamba Sang Hyang Widhi" dan mendapat pembinaan khusus dari Balai Besar Taman Nasional Bromo Tengger Semeru (BBTNBTS) untuk mendorong partisipasi masyarakat dalam upaya konservasi (Pratiwi *et al.*, 2019).

Hasil analisis faktor di atas menunjukkan tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai status konservasi edelweis tinggi yang ditunjukkan oleh tiga faktor utama yang terbentuk dengan total variansi 67,4% dengan nilai *loading* signifikan berkisar antara 0,682 – 1,002. Hal ini menunjukkan bahwa masyarakat dan pendaki, memiliki kesadaran yang baik terkait status perlindungan edelweis dan pentingnya menjaga kelestariannya.

Namun, hasil tersebut dapat dikontraskan dengan hasil penelitian Soetoto dan Graicila (2022) di kawasan Taman Nasional Gunung Gede Pangrango (TNGGP), yang menyebutkan bahwa kurangnya kesadaran masyarakat, lemahnya penegakan hukum, dan minimnya sosialisasi tentang aturan konservasi menjadi faktor penghambat dalam memberikan efek jera kepada pelaku perusakan edelweis. Dengan demikian, hasil ini memberikan kontribusi penting bahwa meskipun tingkat kesadaran masyarakat di Gunung Sumbing tinggi, pendekatan yang

sistematis dalam penegakan hukum dan pengawasan, seperti yang disarankan di kawasan TNGGP, tetap diperlukan untuk menjaga keberlanjutan konservasi edelweis.

C. Keterbatasan Penelitian

Penelitian ini memiliki beberapa keterbatasan yang dapat dijadikan pertimbangan perbaikan untuk penelitian yang akan datang, poin-poin keterbatasan yang dapat penulis sebutkan yaitu sebagai berikut:

1. Pada aspek sosial, data mengenai pengetahuan, perspektif dan sikap masyarakat yang dikumpulkan secara daring berpotensi mengalami bias responden, karena tidak semua pendaki dan penduduk lokal memiliki akses atau kesediaan untuk mengisi kuesioner.
2. Penelitian ini memiliki keterbatasan waktu yang berpengaruh pada cakupan lokasi pengambilan sampel yang hanya dilakukan di satu jalur pendakian Gunung Sumbing. Padahal, Gunung Sumbing memiliki beberapa jalur pendakian dengan kondisi ekologi yang beragam, sehingga berpotensi terdapat variasi genetik dan morfologis edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) yang belum terdeteksi.

BAB V

PENUTUP

A. Simpulan

Berdasarkan hasil analisis penelitian yang telah dilakukan, diperoleh simpulan sebagai berikut:

1. Hasil analisis genetik DNA *barcoding* menggunakan sekuen *matK* yang didukung dengan analisis secara morfologi, penelitian ini mengungkap bahwa edelweis yang ditemukan di Gunung Sumbing merupakan spesies *Anaphalis javanica* Sch.Bip. yang berhasil terkarakterisasi dengan panjang sekuen hasil *contig* pada sampel sampel AJ1 yaitu 851 bp, AJ2 yaitu 851 bp dan AJ3 yaitu 849 bp, kemudian hasil analisis komposisi nukleotida dari tiga sekuen DNA spesies *Anaphalis javanica* Sch.Bip., AJ1 dan AJ2 menunjukkan distribusi yang sama yaitu T: 36,5%, C: 17,5%, A: 29,1% dan G:16,8%, sedangkan AJ3 memiliki distribusi T: 36,6%, C: 17,6%, A: 29% dan G:16,8%.
2. Hasil analisis faktor menunjukkan tingkat pengetahuan dan perilaku masyarakat mengenai status konservasi edelweis adalah tinggi. Sebanyak 38 responden yang terdiri dari masyarakat lokal dan pendaki Gunung Sumbing menunjukkan kesadaran konservasi edelweis yang tinggi (skor 4,3/5) dan 15% pernah terlibat langsung dalam konservasi. Sebanyak 85% mengetahui status konservasi edelweiss dan 40% memahami

ancaman utamanya. Responden merekomendasikan sosialisasi, edukasi, dan penegakan hukum yang lebih kuat untuk perlindungan berkelanjutan.

B. Saran

Saran yang dapat diajukan penulis untuk penelitian selanjutnya yaitu sebagai berikut:

1. Penelitian selanjutnya disarankan untuk memperluas cakupan lokasi pengambilan sampel yang pada penelitian ini hanya dilakukan di satu jalur pendakian Gunung Sumbing. Padahal, Gunung Sumbing memiliki beberapa jalur pendakian dengan kondisi ekologi yang beragam, sehingga berpotensi terdapat variasi genetik dan morfologis edelweis (*A. javanica* Sch.Bip.) yang belum terdeteksi.;
2. Penelitian berikutnya disarankan untuk melibatkan kolaborasi dengan instansi pemerintah, organisasi lingkungan, atau komunitas lokal dalam upaya pengelolaan dan pelestarian edelweis berbasis hasil penelitian ilmiah ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Acinas, S. G., Marcelino, L. A., Klepac-ceraj, V., & Polz, M. F. (2004). *Divergence and Redundancy of 16S rRNA Sequences in Genomes with Multiple rrn Operons*. 186(9), 2629–2635. <https://doi.org/10.1128/JB.186.9.2629>
- Ade, F. Y., Hakim, L., Arumingtyas, E. L., & Azrianingsih, R. (2019). The detection of *Anaphalis* spp. genetic diversity based on molecular character (using ITS, ETS, and EST-SSR markers). *International Journal on Advanced Science, Engineering and Information Technology*, 9(5), 1695–1702. <https://doi.org/10.18517/ijaseit.9.5.9597>
- Afiani, R., Minarti, I. B., & Dewi, L. R. (n.d.). *Studi Komparasi Keanekaragaman Tumbuhan Liana di Pulau Jawa*.
- Amada, G., Kobayashi, K., Izuno, A., Mukai, M., Ostertag, R., Kitayama, K., & Onoda, Y. (2020). Leaf trichomes in *Metrosideros polymorpha* can contribute to avoiding extra water stress by impeding gall formation. *Annals of Botany*, 125(3), 533–542. <https://doi.org/10.1093/aob/mcz196>
- Badotti, F., Oliveira, F. S. De, Garcia, C. F., Bruna, A., Vaz, M., Luize, P., Fonseca, C., Nahum, L. A., Oliveira, G., & Góes-neto, A. (2017). *Effectiveness of ITS and sub-regions as DNA barcode markers for the identification of Basidiomycota (Fungi)*. 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12866-017-0958-x>
- Ballantyne, K. N., Van Oorschot, R. A. H., & Mitchell, R. J. (2011). Increased amplification success from forensic samples with locked nucleic acids. *Forensic Science International: Genetics*, 5(4), 276–280. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.04.001>
- Bangol, I., Momuat, L. I., & Kumaunang, M. (2014). Barcode DNA Tumbuhan Pangi (*Pangium edule* R.) Berdasarkan Gen matK. *Jurnal MIPA*, 3(2), 113. <https://doi.org/10.35799/jm.3.2.2014.5862>

- Benson, D. A., Cavanaugh, M., Clark, K., Karsch-mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J., & Sayers, E. W. (2013). *GenBank*. 41(November 2012), 36–42. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1195>
- Boonsom, T., Waranuch, N., & Ingkaninan, K. (2012). Fitoterapia Molecular analysis of the genus *Asparagus* based on mat K sequences and its application to identify *A. racemosus*, a medicinally phytoestrogenic species. *Fitoterapia*, 83(5), 947–953. <https://doi.org/10.1016/j.fitote.2012.04.014>
- CBOL, P. G. W. (2009). *A DNA barcode for land plants*. 2009, 1–4.
- Chika, S. (2023). Variasi Genetik Kultivar Jambu Semarang (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry) Dari Kabupaten Demak Menggunakan Second Internl Transcribed Spacer (ITS-2). *Skripsi UIN Walisongo Semarang*.
- Chizanah, L., & Hadjam, M. N. R. (2011). Validitas Konstruk Ikhlas : Analisis Faktor Eksploratori terhadap Instrumen Skala Ikhlas. *Jurnal Psikologi*, 38(2), 199–214.
- Crossley, B. M., Bai, J., Glaser, A., Maes, R., Porter, E., Killian, M. L., Clement, T., & Toohey-Kurth, K. (2020). Guidelines for Sanger sequencing and molecular assay monitoring. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 32(6), 767–775. <https://doi.org/10.1177/1040638720905833>
- Dewantara, I. G. K. (2017). KEANEKARAGAMAN GENETIK EDELWEIS (*Anaphalis javanica*) MENGGUNAKAN PENANDA DNA KLOOROPLAS GEN matK. *Skripsi*.
- Edi, S., Prakasa Hary, & Ritonga Yusran Efendi. (2020). Analisis Variasi Morfologi dan Habitat Edelweis (*Anaphalis* spp). *Jurnal Biosains*, 6(1), 27–31.
- Green, M. R., & Sambrook, J. (2019). Polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2019(6), 436–456. <https://doi.org/10.1101/pdb.top095109>
- Gupta, N. (2019). DNA extraction and polymerase chain reaction. *Journal of Cytology*, 36(2), 116–117.

https://doi.org/10.4103/JOC.JOC_110_18

- Hapsari, L. (2017). *Keragaman dan Kekerabatan Genetik Pisang (Musa L.) di Jawa Timur berdasarkan Sekuen Daerah Internal Transcribed Spacer [Genetic Diversity and Relationship of Bananas (Musa L.) in E ... October.*
- Harahap, M. R., Kimia, P. S., & Sains, F. (2018). *Elektroforesis : Analisis Elektronika Terhadap Biokimia Genetika.* 2(1), 21–26.
- Hardin, S. H. (2011). DNA Sequencing Kits DNA Sequencing Kits. *ENCYCLOPEDIA OF LIFE SCIENCES Nature Publishing Group / Wwww.Els.Net*, 10–11.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & Jeremy, R. (2003). *Biological identifications through DNA barcodes.* January, 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hidayat, T., Hidayat, O. T., & Pancoro, A. (2008). *ULASAN Kajian Filogenetika Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek.* 4(1), 35–40.
- Hilu, K. W., & Liang, H. (1997). The matK gene sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany*, 84(6), 830–839. <https://doi.org/10.2307/2445819>
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2011). *Choosing and Using a Plant DNA Barcode.* 6(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019254>
- Hutami, R., Bisyrri, H., Sukarno, S., Nuraini, H., & Ranasasmita, R. (2018). Ekstraksi DNA dari Daging Segar untuk Analisis dengan Metode Loop-Mediated Isothermal Amplification (LAMP). *Jurnal Agroindustri Halal*, 4(2), 209–216. <https://doi.org/10.30997/jah.v4i2.1409>
- iNaturalist. (2024). *iNaturalist.org.* <https://www.inaturalist.org/observations/131603173>
- ITIS.gov. (2024). *Anaphalis javanica.*

<https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:176423-1#higher-classification>

Katoh, K. (2021). *Multiple Sequence Alignment*.

KLHK. (2018). Peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan Nomor P.20/MENLHK/SETJEN/KUM.1/6/2018 Tentang Jenis Tumbuhan dan Satwa Yang Dilindungi. *Kementrian Lingkungan Hidup Dan Kehutanan*, 1–29. https://ksdae.menlhk.go.id/assets/news/peraturan/P.20_Jenis_TSL_.pdf

Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2012). *Chapter 1 DNA Barcodes : Methods and Protocols*. 858, 3–8. <https://doi.org/10.1007/978-1-61779-591-6>

Kumar Bisht, V., & Purohit, &vineet. (2014). *Medicinal and Aromatic Plants Diversity of Asteraceae in Uttarakhand. January 2010*. <http://www.sciencepub.net>

Kuswanto, L. (2022). *Identification-and-documentation-of-wild-plant-species-with-ornamental-potentials-at-Mount-Prau-Central-Java-Indonesia_2022_Brazilian-Society-of-Floriculture-and-Ornamental-Plants.pdf*. 0, 110–119.

Lee, P. Y., Costumbrado, J., Hsu, C., & Kim, Y. H. (2012). *Agarose Gel Electrophoresis for the Separation of DNA Fragments*. *April*, 1–5. <https://doi.org/10.3791/3923>

Lestari, T., Agussabti, & Alibasyah, M. R. (2011). Kajian peranan lembaga adat (kearifan lokal) Forsaka dalam upaya pelaksanaan program konservasi sumberdaya hutan di Kabupaten Aceh Besar. Tesis. Program Pasca Sarjana. Universitas Syiah Kuala, Banda Aceh. *Unsyiah*, 3(2), 506–516.

Li, X., Yang, Y., Henry, R. J., Rossetto, M., Wang, Y., & Chen, S. (2014). *Plant DNA barcoding: from gene to genome*. <https://doi.org/10.1111/brv.12104>

Madden, T. (2002). Chapter 16 : The BLAST Sequence Analysis Tool. *The NCBI Handbook[Internet], Md*, 1–15.

- Men, A E, Peter, Wilson, Kirby, Siemering, F. S. (2008). Next Generation Genome Sequencing: Towards Personalized Medicine. *Next Generation Genome Sequencing: Towards Personalized Medicine*, 1–260. <https://doi.org/10.1002/9783527625130>
- Mulyani, Y., Purwanto, A., & Nurruhwati, I. (2011). Perbandingan Beberapa Metode Isolasi Dna Untuk Deteksi Dini Koi Herpes Virus (Khv) Pada Ikan Mas (*Cyprinus Carpio L.*). *Jurnal Akuatik Indonesia*, 2(1), 244185.
- Nurkholidah. (2019). *KARAKTERISASI MORFOLOGI DAN BARKODING DNA Globba atrosanguinea Teijsm. & Binn. (ZINGIBERACEAE) AKSESI KALIMANTAN.*
- Pandjaitan, D. R. H., & Aripin, A. (2017). *Metode Penelitian Untuk Bisnis*. <http://repository.lppm.unila.ac.id/id/eprint/12007>
- Prasetya, E., Prakasa, H., Jannah, M., & Rachmawati, Y. (2020). DNA barcoding of edelweiss (*Anaphalis longifolia*) of North Sumatran origin using sequence Maturase K gene. *Jurnal Biosain*, 6(3), 115.
- Pratama, P. A., & Sugiharto, A. N. (2020). Interaksi Genotip × Lingkungan Terhadap Penampilan Vegetatif dan Generatif Beberapa Calon Varietas Jagung Ketan (*Zea mays L. var. ceratina Kulesh*) di Jawa Timur. *Jurnal Produksi Tumbuhan*, 9(6), 1–9.
- Pratiwi, T. I., Muttaqin, T., & Chanan, M. (2019). Pengembangan Desa Wisata Edelweiss di Desa Wonokitri Kecamatan Tosari Kabupaten Pasuruan (Resort PTN Gunung Penanjakan Taman Nasional Bromo Tengger Semeru). *Journal of Forest Science Avicennia*, 2(1), 16–28. <https://doi.org/10.22219/avicennia.v2i1.8369>
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Glo, F. O., & Yarza, P. (2013). *The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools*. 41(November 2012), 590–596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>

- Rahalus, M., Kumaunang, M., Wuntu, A., & Pontoh, J. (2015). Barcode DNA Edelweis (*Anaphalis javanica*) Berdasarkan Gen matK. *Jurnal MIPA*, 4(2), 131. <https://doi.org/10.35799/jm.4.2.2015.9037>
- Ratnasingham, S.,; Hebert, P. D. (2007). *BARCODING BOLD: The Barcode of Life Data System*. 355–364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x>
- Retnowati, A., Rugayah, Rahajoe, J. S., & Arifiani, D. (2019). Status Keanekaragaman Hayati Indonesia : Kekayaan Jenis Tumbuhan Indonesia. In *LIPI Press*.
- Rohmaniyah, A. (2023). "Identifikasi *Flacourtia* sp. Koleksi Kebun Raya Bogor Menggunakan DNA Barcoding Sekuen rbcL dan matK. In *eprint.walisongo.ac.id* (Vol. 4, Issue 1).
- Rusydina, D. S. (2023). KARAKTERISASI MORFOLOGI DAN DNA BARCODING *Durio macrantha* Kosterm. KOLEKSI KEBUN RAYA BOGOR. In *AT-TAWASSUTH: Jurnal Ekonomi Islam: Vol. VIII* (Issue I).
- Selvaraj, D., Sarma, R. K., & Sathishkumar, R. (2008). *Bioinformation Phylogenetic analysis of chloroplast mat K gene from Zingiberaceae for plant DNA barcoding Bioinformation*.
- Serge, H. (2015). *ESTIMASI JARAK GENETIK DAN FAKTOR PEUBAH PEMBEDA RUMPUN KELINCI MELALUI ANALISIS MORFOMETRIK (Genetic Distance Estimation and Variable Differential Factor Through Analysis of Morph ... (Genetic Distance Estimation and Variable Differential Factor Throug. March*. <https://doi.org/10.32734/jpi.v2i3.2730>
- Soetoto, E. O. H., & Monica Graicila. (2022). Perlindungan Hukum Bunga Edelweis di Kawasan Taman Nasional Gunung Gede Pangrango Berdasarkan Undang-Undang Nomor 5 Tahun 1990 Tentang Konservasi Sumber Daya Alam Hayati Dan Ekosistemnya. *Krtha Bhayangkara*, 16(1), 101–120. <https://doi.org/10.31599/krtha.v16i1.1088>

- Steenis, van C. G. G. . (2010). *Flora Pegunungan Jawa*. LIPI Press.
http://perpustakaan.batam.go.id/opac/detail-opac?id=57068%0Ahttp://perpustakaan.batam.go.id/uploaded_files/sampul_koleksi/original/Monograf/57068.jpg
- Taufiq, A., Syamsuardi, Arbain, A., Maideliza, T., Nurainas, & Mansyurdin. (2013). Analisis Morfometri Dan Biologi Reproduksi *Anaphalis Javanica* Dan *a.Longifolia* (Asteraceae) Di Sumatera Barat. *Floribunda*, 4(7), 161–168.
- Viggiano, L., & Marsano, R. M. (2023). *The Stability and Evolution of Genes and Genomes*.
- Voytas, D. (1991). RESOLUTION AND RECOVERY OF DNA FRAGMENTS. *Current Protocols in Immunology*, 1–8.
<https://doi.org/10.1002/0471142735.im1004s02>
- Wan, P., & Che, D. (2013). *Constructing phylogenetic trees using interacting pathways Abstract* : 9(7).
- Wolfe, K. H., Li, W. H., & Sharp, P. M. (1987). Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial , chloroplast , and nuclear DNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 84(December), 9054–9058. doi: 10.1073/pnas.84.24.9054
- Yang, K., & Zhang, L. (2008). *Performance comparison between k -tuple distance and four model-based distances in phylogenetic tree reconstruction*. 36(5), 1–9.
<https://doi.org/10.1093/nar/gkn075>

LAMPIRAN

Lampiran 1. Uji one-way ANNOVA Parameter Lingkungan

Ketinggian

ANOVA

Ketinggian

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	32774.889	2	16387.444	4337.853	.000
Within Groups	22.667	6	3.778		
Total	32797.556	8			

Tekanan udara

ANOVA

Tekanan Udara

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	292.382	2	146.191	6578.600	.000
Within Groups	.133	6	.022		
Total	292.516	8			

Intensitas cahaya

ANOVA

Intensitas Cahaya

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	60646.222	2	30323.111	41.934	.000
Within Groups	4338.667	6	723.111		
Total	64984.889	8			

Suhu Tanah

ANOVA

Suhu tanah

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	53.556	2	26.778	15.062	.005
Within Groups	10.667	6	1.778		
Total	64.222	8			

Lampiran 1. Lanjutan

Post hoc suhu tanah

Multiple Comparisons

Dependent Variable: Celcius

Tukey HSD

(I) Suhutanah	(J) Suhutanah	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
Titik 1	Titik 2	-5.00000*	1.08866	.009	-8.3403	-1.6597
	Titik 3	-5.33333*	1.08866	.006	-8.6736	-1.9930
Titik 2	Titik 1	5.00000*	1.08866	.009	1.6597	8.3403
	Titik 3	-.33333	1.08866	.950	-3.6736	3.0070
Titik 3	Titik 1	5.33333*	1.08866	.006	1.9930	8.6736
	Titik 2	.33333	1.08866	.950	-3.0070	3.6736

*. The mean difference is significant at the 0.05 level.

pH Tanah

ANOVA

pH Tanah

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	.000	2	.000	.	.
Within Groups	.000	5	.000		
Total	.000	7			

Kelembapan Udara

ANOVA

Kelembapan Udara

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	50.000	2	25.000	.	.
Within Groups	.000	6	.000		
Total	50.000	8			

ANOVA

Suhu Udara

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
Between Groups	3.556	2	1.778	4.000	.079
Within Groups	2.667	6	.444		
Total	6.222	8			

Questions Responses **33** Settings

Apakah Anda mengetahui bahwa di gunung sumbing ini terdapat tumbuhan yang masuk ke dalam daftar darurat konservasi? *

ya

Tidak

Jika ya, sebutkan nama tumbuhan tersebut (jika Anda tahu)

Short answer text

Dari mana Anda mengetahui informasi tersebut?

Media Sosial

Brosur/poster

Panduan pendakian

Informasi dari warga lokal

Other...

Questions Responses **33** Settings

Seberapa penting menurut Anda konservasi tumbuhan di sekitar gunung ini? *

Sangat penting

Penting

Cukup penting

Kurang penting

Tidak penting

Apa yang Anda lakukan untuk membantu melindungi tumbuhan yang terancam punah di sekitar gunung ini? *

Tidak memetik tumbuhan

Menginformasikan orang lain tentang pentingnya konservasi

Membakar area di sekitar gunung untuk membersihkan lahan

Questions Responses **33** Settings

Description (optional)

Berapa kali Anda sudah mendaki gunung ini? *

1-2 kali

3-5 kali

Lebih dari 5 kali

Belum pernah sama sekali

Apakah Anda pernah melihat tumbuhan yang terancam punah saat mendaki? *

Ya

Tidak

Tidak yakin

Jika iya, Apa jenis tumbuhan tersebut?

Short answer text

Questions Responses **33** Settings

Apakah anda sudah pernah mendengar informasi mengenai tumbuhan edelweis atau bahkan pernah melihat secara langsung? *

Iya

Tidak

Tidak yakin

Jika ya, seberapa sering Anda melihat tumbuhan tersebut?

Sering

Kadang-kadang

Jarang

Jika Iya ada berapa jenis edelweis yang pernah anda lihat?

Short answer text

Questions Responses 68 Settings

Apakah Anda pernah ikut serta dalam kegiatan konservasi di gunung ini? *

Ya

Tidak

Jika ya, jenis kegiatan konservasi apa yang pernah Anda ikuti?

Penanaman pohon

Kampanye kesadaran lingkungan

Pengawasan dan pelaporan

Other...

Seberapa sering Anda terlibat dalam kegiatan konservasi? *

Sering

Kadang-kadang

Jarang

Questions Responses 68 Settings

Saran dan Harapan

Description (optional)

Apa saran Anda untuk meningkatkan upaya konservasi tumbuhan yang terancam punah di gunung ini? *

Long answer text

Apa harapan Anda terhadap pemerintah atau pihak terkait dalam menjaga kelestarian tumbuhan di sekitar gunung ini? *

Long answer text

Apakah Anda memiliki usulan kegiatan konservasi yang bisa dilakukan oleh pendaki atau masyarakat lokal? *

Long answer text

Lampiran 3. Uji Asumsi *Bartlett Test of Sphericity*

Assumption Checks

Bartlett's Test of Sphericity		
χ^2	df	p
198	45	< .001

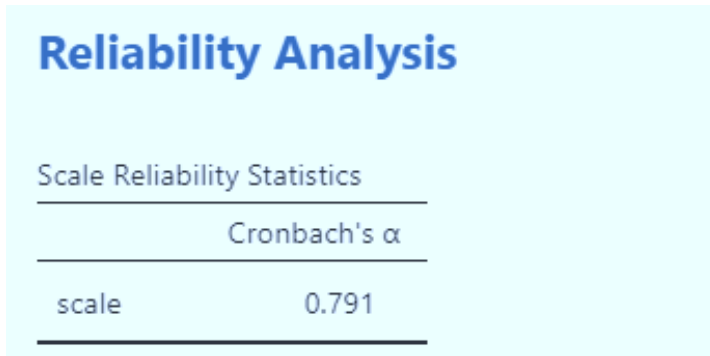
p < 0,05: data sudah layak untuk dianalisis.

Lampiran 4. Korelasi Variabel dan Nilai Keiser Meyer Olkin (KMO)

KMO Measure of Sampling Adequacy	
	MSA
Overall	0.703
Pengetahuan (1)	0.750
Pengetahuan (2)	0.825
Sumber Informasi	0.689
Pengetahuan (3)	0.730
Pengetahuan (4)	0.764
Pengalaman kegiatan konservasi	0.653
Pengalaman kegiatan konservasi (2)	0.627
Pengalaman kegiatan konservasi (3)	0.856
Saran 1	0.482
Harapan	0.533

MSA > 0,5: variabel masih bisa diprediksi dan bisa dianalisis lebih lanjut

Lampiran 5. Uji Realibilitas



nilai Cronbach's Alpha >0,7: reliabel

Lampiran 6. Hasil BLASTn

Query Length 851 Fit Customize and control Google Chrome

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

Descriptions **Graphic Summary** Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 100

select all 10 sequences selected

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis racemifera voucher 470 chloroplast complete genome	Anaphalis racem...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153228	NC_087942.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis roseoalba voucher 46757 chloroplast complete genome	Anaphalis roseo...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153359	NC_087944.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis subdecurrens Anaphalis subdecurrens voucher 46756 chloroplast complete genome	Anaphalis subde...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153130	NC_087948.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis contorta voucher DS11511 chloroplast complete genome	Anaphalis contor...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153092	NC_087923.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis tridinerivis voucher 35925 chloroplast complete genome	Anaphalis tridit...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	152213	NC_087954.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis virgata voucher 46761 chloroplast complete genome	Anaphalis virgata...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153268	OR727249.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis cavai voucher 228 chloroplast complete genome	Anaphalis cavai...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153025	NC_087920.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis busua voucher DS11458 chloroplast complete genome	Anaphalis busua...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153087	NC_087919.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis contorta voucher DS13552 chloroplast complete genome	Anaphalis contor...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153279	OR727210.1
<input type="checkbox"/>	Pseudognaphalium hypoleucum voucher BNU2019XC300 chloroplast complete genome	Pseudognaphali...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153324	OR727264.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Anaphalis margaritacea var. angustifolia voucher 46740 chloroplast complete genome	Anaphalis marja...	1561	1561	100%	0.0	99.76%	153269	OR722227.1

Feedback

Lampiran 7. Hasil *alignment Clustal W*

M11: Alignment Explorer (no trim.meg)

Alignment Explorer (no trim.meg) showing DNA Sequences and Translated Protein Sequences. The alignment is displayed in a grid format with columns representing individual nucleotide positions and rows representing different species. The species listed include Anaphalis margaritacea, Anaphalis virgata, Anaphalis margaritacea, Anaphalis cavai, Anaphalis vivipara, Anaphalis inghensis, Anaphalis tenella, Anaphalis subdecurrens, Anaphalis rosaeoides, Anaphalis racemifera, Anaphalis rubigena, Anaphalis nepalensis, Anaphalis margaritacea, Anaphalis helwigii, Anaphalis cavai, Anaphalis lutea, Anaphalis acutifolia, Anaphalis hancockii, Anaphalis aureopunctata, Anaphalis margaritacea, Anaphalis javanica AJ1, and Anaphalis margaritacea.

Lampiran 8. Sekuen *Anaphalis javanica* Sch.Bip. hasil *contig*

>Consensus *Anaphalis javanica* Sch.Bip. AJ1

```
GCTTCCCTTTACATTTTTTAAGATTCTTTCTCCACGAATGTCATAATT
GGGATAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTT
AAAAAGAAATCATAGATTATTCTTTTTTCCCTATATACTTTTCATGTACGT
GAATATGAATCTGGCTTCTTCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACTTAC
GAGCAACATCTTCTGGAGCCCTTATTGAACGAATCCATTTCTATGGAAA
AATAGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCGAATTTT
TG GTTGT TCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAAT
CAATTATTGCTTCAAAGGGACGTTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATA
TTACTTTGTCAATTTCTGGAAATCCTATTTTTTACCTGTGGTCTCAACCA
GGAAGGATTTATATAAACGAATTATACAATCATTCCATTGACTTTCTGG
GTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAGAGCCTTCAATGATACGCAGTCAAAT
GCTAGAAAATTCATTTCTAATCGATAATGCTATTA AAAAGTTTGATACT
CTTGTTCCAATTATACCTCTGATTAGATCATTGGCTAAATCAAATTTT
GTAACGCGTTGGGGCATCCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCCGATTTTTT
AGATTCTGATATTATTGAGCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTCT
CATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTTTGTATCGAGTAAAGT
ATATACT-CGACTTC
```

>Consensus AJ2

GCTTCCCTCTTTACATTTTTTTAAGATTCTTTCTCCACGAATGTCATAATT
GGGATAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTTC
AAAAAGAAATCATAGATTATTCTTTTTTCCTATATACTTTTCATGTACGT
GAATATGAATCTGGCTTCTTCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACTTAC
GAGCAACATCTTCTGGAGCCCTTATTGAACGAATCCATTTCTATGGAAA
AATAGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCGAATTTT
TGTTTGTTCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAAT
CAATTATTGCTTCAAAGGGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAAATA
TTACTTTGTCAATTTCTGGAAATCCTATTTTTACCTGTGGTCTCAACCA
GGAAGGATTTATATAAACGAATTATACAATCATTCCATTGACTTTCTGG
GTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAGAGCCTTCAATGATACGCAGTCAAAT
GCTAGAAAATTCATTTCTAATCGATAATGCTATTA AAAAGTTTGATACT
CTTGTTCCAATTATACCTCTGATTAGATCATTGGCTAAATCAAATTTT
GTAACGCGTTGGGGCATCCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCCGATTTTTTC
AGATTCTGATATTATTGAGCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTCTC
CATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTTTGTATCGAGTAAAGT
ATA

>Consensus AJ3

GCTTCCCTCTTTACATTTTTTTAAGATTCTTTCTCCACGAATGTCATAATT
GGGATAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTTTC
AAAAAGAAATCATAGATTATTCTTTTTTCCTATATACTTTTCATGTACGT
GAATATGAATCTGGCTTCTTCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACTTAC
GAGCAACATCTTCTGGAGCCCTTATTGAACGAATCCATTTCTATGGAAA
AATAGAGCATCTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCGAATTTT
TGTTTGTTCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAAT
CAATTATTGCTTCAAAGGGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAAATA
TTACTTTGTCAATTTCTGGAAATCCTATTTTTACCTGTGGTCTCAACCA
GGAAGGATTTATATAAACGAATTATACAATCATTCCATTGACTTTCTGG
GTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAGAGCCTTCAATGATACGCAGTCAAAT
GCTAGAAAATTCATTTCTAATCGATAATGCTATTA AAAAGTTTGATACT
CTTGTTCCAATTATACCTCTGATTAGATCATTGGCTAAATCAAATTTT
GTAACGCGTTGGGGCATCCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCCGATTTTTTC

AGATTCTGATATTATTGAGCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTTCT
CATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTTTGTATCGAGTAAAGT
ATATA

GAMBAR LAMPIRAN**Gambar Lampiran 1. Dokumentasi Penelitian**

Keterangan: A) Pengambilan sampel; B) Pengukuran parameter lingkungan; C) Pengamatan karakter morfologi; D) Isolasi DNA; E) Amplifikasi DNA hasil isolasi; F) Visualisasi pita DNA.

DAFTAR RIWAYAT HIDUP

1. Identitas Diri

1. Nama Lengkap : Ahmad Juwarsyah
2. Tempat,
Tanggal Lahir : OKU Timur, 26 Juli 2003
3. Alamat Rumah : Desa Jatisari, Kec. Madang Suku 1,
Kabupaten OKU Timur, Prov. Sumatera
Selatan
4. No. Handphone : 081904757967
5. E-mail : ahmadjuarsyah27@gmail.com,
2108016083@student.walisongo.ac.id

2. Riwayat Pendidikan

1. Pendidikan Formal
 - a. SD Negeri 2 Jatisari
 - b. MTs Jaya Bakti
 - c. SMA Nurul Huda
2. Pendidikan Non Formal
 - a. Pondok Pesantren Nurul Huda Belitang Madang Raya
 - b. Pondok Pesantren Al-Ma'rufiyah Semarang