

KONSERVASI GENETIK HANTAP (*Sterculia
oblongata* R. Br.) MENGGUNAKAN DNA
BARCODING SEKUEN *psbA-trnH*

SKRIPSI

Diajukan untuk Memenuhi Sebagian Syarat Guna Memperoleh
Gelar Sarjana Sains
dalam Ilmu Biologi



Oleh: **FAUZI AKBAR**

NIM: 1808016006

FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI UNIVERSITAS ISLAM
NEGERI WALISONGO SEMARANG

2021

KONSERVASI GENETIK HANTAP (*Sterculia
oblongata* R. Br.) MENGGUNAKAN DNA
BARCODING SEKUEN *psbA-trnH*

SKRIPSI

Diajukan untuk Memenuhi Sebagian Syarat Guna Memperoleh
Gelar Sarjana Sains
dalam Ilmu Biologi



Oleh: **FAUZI AKBAR**

NIM: 1808016006

FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI UNIVERSITAS ISLAM
NEGERI WALISONGO SEMARANG

2021

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertandatangan di bawah ini:

Nama : **Fauzi Akbar**

NIM : 1808016006

Jurusan : S1 Biologi

Menyatakan bahwa skripsi yang berjudul:

**KONSERVASI GENETIK HANTAP (*Sterculia
oblongata* R. Br.) MENGGUNAKAN DNA *BARCODING*
SEKUEN *psbA-trnH***

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

Semarang, 23 Desember 2021

Pembuat Pernyataan



Fauzi Akbar

NIM: 1808016006



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 : Konservasi Genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) Menggunakan DNA Barcoding Sekuen psbA-trnH

Penulis : **Fauzi Akbar**

NIM : 1808016006

Jurusan : S1 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, 30 Desember 2021

DEWAN PENGUJI

Penguji I,

Arnia Sari Mukaromah, M.Sc.
NIP. 198709112018012001

Penguji II,

Muhammad Rifqi H., M.Si.
NIP. 199005212018011004

Penguji III,

Baiq Farhatul Wahidah, M.Si.
NIP. 197502222009122002

Penguji IV,

Andang Syaifudin, M.Sc.
NIP. 198907192019031010

Pembimbing I,

Arnia Sari Mukaromah, M.Sc.
NIP. 198709112018012001

Pembimbing II,

Muhammad Rifqi H., M.Si.
NIP. 199005212018011004

NOTA DINAS

Semarang, 23/12/2021

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 : **Konservasi Genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) Menggunakan DNA *Barcoding* Sekuen *psbA-trnH***

Penulis : **Fauzi Akbar**

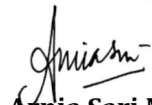
NIM : 1808016006

Jurusan : S1 Biologi

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

Wassalamu'alaikum. wr. wb.

Pembimbing I,



Arnia Sari Mukaromah, M.Sc.

NIP: 198709112018012001

NOTA DINAS

Bogor, 23/12/2021

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 : **Konservasi Genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) Menggunakan DNA *Barcoding* Sekuen *psbA-trnH***

Penulis : **Fauzi Akbar**

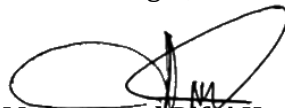
NIM : 1808016006

Jurusan : S1 Biologi

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

Wassalamu'alaikum. wr. wb.

Pembimbing II,



Muhammad Rifqi Hariri, M.Si.
NIP: 199005212018011004

Motto

الْأَجْرُ بِقَدْرِ التَّعَبِ

Hasil yang engkau dapatkan sesuai dengan apa yang engkau usahakan

-Imam Al Ghozali-

ABSTRAK

Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) merupakan salah satu tanaman obat yang berasal dari Indonesia. DNA *barcoding* diaplikasikan dalam kegiatan konservasi genetik dengan tujuan menjaga keragaman genetik. *Region psbA-trnH* digunakan sebagai *barcode* karena memiliki variasi pada tingkat spesies yang tinggi. Penelitian ini bertujuan menganalisis karakteristik sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*S. oblongata*) dan mengetahui peran sekuen *psbA-trnH* dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*S. oblongata*) di Indonesia. Data diperoleh dari isolasi DNA sampel *S. oblongata* koleksi Kebun Raya Bogor dengan mengikuti prosedur manual *Plant Genomic DNA kit (TIANGEN)*. Siklus pada proses PCR dilakukan sebanyak 35 kali dan dilanjutkan dengan elektroforesis. Produk PCR disekuensing di 1st BASE DNA Sequencing Services, Singapura. Analisis data dilakukan menggunakan software *Molecular Evolutionary Genetics Analysis X (MEGA X)* dan BioEdit versi 7.2.6.1. Alignment dilakukan menggunakan ClustalW dan data dianalisis menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)* pada laman *National Center for Biotechnology Information (NCBI)*. Pohon filogenetik dikonstruksi menggunakan metode statistik *Maximum Parsimony* dengan algoritma *Subtree-Pruning-Regrafting (SPR)* dan nilai *bootstrap replications* 1000. Hasil penelitian menunjukkan sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*S. oblongata*) memiliki karakteristik berupa panjang sekuen 350 bp dan persentase komposisi sekuen yang terdiri atas 39,7% nukleotida T; 13,7% nukleotida C; 30,6% nukleotida A; dan 16,0% nukleotida G. Analisis pohon filogenetik menunjukkan bahwa *S. oblongata* memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan *S. foetida* (JX856944.1) dan memiliki hubungan kekerabatan yang jauh dengan *S. lanceolata* (KP095703.1). Karakteristik sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*S. oblongata*) sesuai dengan karakteristik sekuen *psbA-trnH* dengan rata-rata panjang

sekuen ± 327 bp serta banyak mengandung nukleotida T dan A. Sekuen *psbA-trnH* memiliki peran dan memenuhi kriteria kegiatan identifikasi jenis berbasis molekuler sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*S. oblongata*) di Indonesia.

Kata kunci: DNA *barcoding*, *Maximum Parsimony*, *psbA-trnH*, *Sterculia oblongata*

ABSTRACT

Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) is a medicinal plant originating from Indonesia. DNA barcoding is applied in genetic conservation activities with the aim of maintaining genetic diversity. The *psbA-trnH* region was used as a barcode because it has a high species-level variation. This study aimed to analyze the characteristics of the *psbA-trnH* sequence from Hantap (*S. oblongata*) and to determine the role of the *psbA-trnH* sequence in identification activities as genetic conservation efforts for Hantap (*S. oblongata*) in Indonesia. Data were obtained from DNA isolation of samples of *S. oblongata* collection of the Bogor Botanical Gardens with following the manual procedure of the Plant Genomic DNA kit (TIANGEN). The cycle in the PCR process was carried out 35 times and followed by electrophoresis. PCR products were sequenced at 1st BASE DNA Sequencing Services, Singapore. Data analysis was carried out using Molecular Evolutionary Genetics Analysis X (MEGA X) software and BioEdit version 7.2.6.1. Alignment is done using ClustalW and data analyzed using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) on the National Center for Biotechnology Information (NCBI). The phylogenetic tree was constructed using the Maximum Parsimony statistical method with the algorithm Subtree-Pruning-Regrafting (SPR) and bootstrap replications value of 1000. The results showed that the *psbA-trnH* sequence of Hantap (*S. oblongata*) had characteristics in the form of a sequence length of 350 bp and the percentage of sequence composition consisting of 39.7% T nucleotides; 13.7% nucleotide C; 30.6% nucleotide A; and 16.0% nucleotide G. The phylogenetic tree analysis showed that *S. oblongata* had the closest relationship with *S. foetida* (JX856944.1) and the most distant relationship with *S. lanceolata* (KP095703.1). Sequence characteristics *psbA-trnH* from Hantap (*S. oblongata*) corresponds to the characteristics of the *psbA-trnH* sequence with mean sequence length \pm 327 bp and contains many T and

A nucleotides. The *psbA-trnH* sequence has a role and fulfills the criteria for molecular-based species identification activities as an effort to conserve Hantap (*S. oblongata*) genetics in Indonesia.

Keywords: DNA barcoding, Maximum Parsimony, *psbA-trnH*, *Sterculia oblongata*

KATA PENGANTAR

Segala puji bagi Allah SWT Yang Maha Pembuka dan Maha Penolong dalam memahami luasnya ilmu pengetahuan. Saya bersaksi dengan kesaksian yang dapat memasukkan kita ke dalam tempat yang kekal abadi bahwa tidak ada tuhan selain Allah, dan saya bersaksi bahwa Nabi Muhammad adalah utusan-Nya yang memiliki kedudukan mulia. Shalawat dan salam semoga tetap terlimpahkan bagi Nabi Muhammad SAW, keluarga, dan sahabatnya yang mulia. Semoga kita menjadi salah satu umat yang mendapatkan syafa'atnya.

Pada skripsi ini akan dijabarkan dan dideskripsikan topik skripsi yang berjudul "**Konservasi Genetik Hantap (*sterculia oblongata* R. Br.) Menggunakan DNA Barcoding Sekuen *psbA-trnH***". Harapannya para pembaca dapat mengambil manfaat dari paparan yang ada di dalam skripsi. Penyusunan skripsi ini tentu tidak terpisahkan dari kontribusi berbagai pihak. Oleh sebab itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Bapak Prof. Dr. Imam Taufiq, M.A. selaku Rektor UIN Walisongo;
2. Bapak Dr. H. Ismail, M.Ag. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo;

3. Ibu Baiq Farhatul Wahidah, M.Si. selaku Ketua Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo;
4. Ibu Arnia Sari Mukaromah, M.Sc. selaku pembimbing I yang telah memberikan bimbingan dan arahan selama penelitian dan penulisan skripsi;
5. Bapak Muhammad Rifqi Hariri, M.Si. selaku pembimbing II yang telah memberikan ide, bimbingan dan arahan selama penelitian dan penulisan skripsi;
6. Bapak Dr. R. Hendrian, M.Sc. selaku Kepala Pusat Riset Konservasi Tumbuhan dan Kebun Raya, Badan Riset dan Inovasi Nasional yang telah mengizinkan penulis melakukan penelitian di Laboratoriumnya;
7. Ibu Galih Kholifatun Nisa', M.Sc. selaku dosen wali yang selalu memberikan bimbingan dan arahan selama perkuliahan;
8. Ibu dan Bapak dosen, pegawai, dan civitas akademik UIN Walisongo yang telah membantu penulis selama proses perkuliahan;
9. Orang tua saya, Bapak Subejo Sugiarto (alm) dan Ibu Wasbiah serta saudara saya, Fajar Septian Cahya, S.Pd. dan Faiz Abdullah (alm) yang selalu melimpahkan kasih sayang, perhatian, doa, dan semangat kepada penulis, sehingga penulis dapat mengatasi dan menyelesaikan

permasalahan yang muncul selama perkuliahan dan penulisan skripsi;

10. Seluruh staf di Laboratorium Treub, Pusat Riset Konservasi Tumbuhan dan Kebun Raya, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Bapak Prima Wahyu Kusuma Hutabarat, M.Sc., dan Bapak Irfan Martiansyah, M.Si. yang telah memberikan bantuan selama penelitian dilaksanakan;
11. Rekan-rekan Asisten Laboratorium Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo; Mas Irsyad; Mas Niam; dan Mas Atho yang selalu memberikan semangat, tempat berbagi pengetahuan, dan berdiskusi selama perkuliahan dan penyusunan skripsi;
12. Keluarga Biosinapsis (Biologi 2018), Kiki, Rifqi, Devi, dan Ramdan yang selama ini kebersamai dalam berjuang mencari ilmu di UIN Walisongo;
13. Keluarga UKM-F Riset dan Teknologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo yang telah memberikan pengalaman dan pengetahuan tentang penelitian sehingga sangat membantu dan dapat diterapkan dalam penyusunan skripsi;
14. Keluarga PP. Al Qur'an Al Masthuriyah, santri kamar 4, Abah Zainal Arifin, Mas Zidni, Mas Ali, Mas Rofi, Badru, Zeen, Hafiedz, Mufti, Majid, Sabda, Shofi, Sahri, Hilal, dan Ang Basith yang telah menjadi tempat untuk belajar

banyak hal sehingga penulis dapat menggugah semangat untuk selalu bangkit dan tersenyum untuk dapat menyelesaikan studi ini;

15. Semua pihak yang tidak dapat penulis sebut satu persatu yang telah memberikan dukungan dan doa sehingga skripsi ini dapat terselesaikan.

Penulis tidak mampu memberikan sesuatu apapun kecuali ucapan terima kasih dan doa, semoga Allah SWT selalu meridhai dan menyertai setiap hal yang akan dilalui, serta membalas segala perbuatan baik mereka dengan balasan yang lebih baik.

Penulis menyadari bahwa terdapat kekurangan dalam penyusunan skripsi ini, baik dalam sistematika penulisan, pemilihan referensi, diksi, dan beberapa bagian inti di dalamnya. Oleh sebab itu, penulis selalu terbuka untuk menerima kritik dan saran yang membangun. Semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi penulis dan semua orang. *Aamiin*.

Semarang, 23 Desember 2021

Penulis



Fauzi Akbar

NIM. 1808016006

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL	i
PERNYATAAN KEASLIAN	ii
PENGESAHAN	iii
NOTA DINAS	iv
HALAMAN MOTTO	vi
ABSTRAK	vii
KATA PENGANTAR	xi
DAFTAR ISI	xv
DAFTAR TABEL	xvii
DAFTAR GAMBAR	xviii
DAFTAR LAMPIRAN	xix
BAB I PENDAHULUAN	1
A. Latar Belakang Masalah.....	1
B. Rumusan Masalah	5
C. Tujuan Penelitian	6
D. Manfaat Penelitian	6
BAB II LANDASAN PUSTAKA	8
A. Kajian Teori.....	8
1. Hantap (<i>Sterculia oblongata</i> R. Br.).....	8
2. Konservasi Genetik.....	14
3. DNA <i>Barcoding</i>	16
4. <i>Region psbA-trnH</i>	21
5. Pemanfaatan Tumbuhan dalam Islam.....	22
B. Kajian Penelitian yang Relevan	24
C. Hipotesis.....	28
BAB III METODE PENELITIAN	29
A. Tempat dan Waktu Penelitian.....	29
B. Alat dan Bahan.....	29
1. Alat.....	29
2. Bahan.....	30
C. Metode	31
1. Pengambilan Sampel.....	31
2. Isolasi DNA.....	32
3. Amplifikasi Sekuen <i>psbA-trnH</i>	34

4. Elektroforesis.....	35
5. Analisis Data.....	36
BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN	38
A. Deskripsi Hasil Penelitian	38
1. Hasil Isolasi dan Amplifikasi DNA <i>Sterculia oblongata</i>	38
2. Hasil Sekuensing dari Amplikon Produk PCR.	39
3. Analisis DNA <i>Barcoding Sterculia oblongata</i> ...	40
B. Pembahasan Hasil Penelitian	44
C. Keterbatasan Penelitian.....	54
BAB V SIMPULAN DAN SARAN	56
A. Simpulan	56
B. Saran	57
DAFTAR PUSTAKA	58
LAMPIRAN.....	69
RIWAYAT HIDUP	91

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1	Bahan-bahan penelitian	30
Tabel 3.2	Primer amplifikasi <i>S. oblongata</i>	30
Tabel 4.1	Persentase komposisi nukleotida sekuen <i>psbA-trnH</i> hasil alignment sekuen sampel dan 23 sekuen hasil BLASTn di genbank dari genus <i>Sterculia</i>	42

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1	<i>Sterculia oblongata</i>	10
Gambar 2.2	Kayu <i>S. oblongata</i>	11
Gambar 2.3	Peta persebaran <i>S. oblongata</i>	12
Gambar 2.4	Gen-gen yang digunakan untuk DNA <i>barcoding</i> tanaman.....	20
Gambar 2.5	Struktur umum gen <i>psbA-trnH</i> beserta posisi penempelan primer yang digunakan dalam reaksi PCR.....	22
Gambar 3.1	Peta lokasi pengambilan sampel kulit batang <i>S. oblongata</i>	31
Gambar 4.1	Visualisasi elektroforesis produk PCR dari sampel <i>S. oblongata</i> sekuen <i>psbA-trnH</i>	38
Gambar 4.2	Visualisasi elektroforesis produk PCR sekuen <i>psbA-trnH</i> <i>S. oblongata</i> untuk pengecekan kualitas amplikon.....	39
Gambar 4.3	Pohon filogenetik <i>Sterculia</i> spp. berdasarkan <i>Maximum Parsimony</i>	41
Gambar 4.4	Contoh identifikasi situs informatif yang digunakan dalam analisis <i>Maximum Parsimony</i>	49
Gambar 4.5	Klad Polifiletik <i>Sterculiaceae</i> pada pohon filogenetik <i>Malvaceae</i>	53

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1	Dokumentasi penelitian	70
Lampiran 2	Kromatogram hasil sekuensing produk PCR dari sampel <i>S. oblongata</i> sekuen <i>psbA-trnH</i> .	71
Lampiran 3	Sekuen <i>S. oblongata</i> hasil sekuensing	72
Lampiran 4	Sekuen <i>S. oblongata</i> hasil contig.....	73
Lampiran 5	Tabel hasil BLASTn di NCBI.....	74
Lampiran 6	Tabel daftar sekuen dari genus <i>Sterculia</i> hasil BLASTn yang digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik.....	76
Lampiran 7	Hasil alignment sekuen sampel dan 23 sekuen <i>Sterculia</i> hasil BLASTn di <i>genbank</i>	78
Lampiran 8	Tabel <i>pairwise distances</i> hasil <i>alignment</i> sekuen dari genus <i>Sterculia</i> hasil BLASTn dan sekuen sampel <i>S. oblongata</i>	87

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang Masalah

Indonesia merupakan negara kepulauan terbesar di dunia dengan curah hujan yang cukup tinggi (beriklim tropis) sehingga menjadikan Indonesia sebagai negara megabiodiversitas (Soemarmi *et al.*, 2019; Audiana, Aatiani, & Ekyastuti, 2020; Kurniasih, 2018). Ditinjau dari bidang tumbuhan, beragam tumbuhan yang ada di Indonesia banyak memberikan manfaat bagi masyarakat (Herlina *et al.*, 2019). Beberapa tumbuhan bermanfaat bagi kehidupan karena dapat menghasilkan senyawa tertentu, seperti tumbuhan dari genus *Sterculia* (Marsono, 2008). Sebanyak 21 spesies dari genus *Sterculia* dilaporkan memiliki banyak manfaat antara lain, sebagai pengental dan pengemulsi makanan (*S. urens* Roxb.), produksi kayu (*S. qudarifida* R. Br.), tanaman hias (*S. foetida* L.), serta tanaman obat (*S. oblongata* R. Br.) (Siswadi & Saragih, 2017; El-Sherei *et al.*, 2016; Kuruwanshi, Katiyar, & Khan, 2017; Siswadi *et al.*, 2020; Njurumana, 2011; Hendarini, 2011; Herlina *et al.*, 2019).

Sterculia oblongata termasuk salah satu tumbuhan asli yang berasal dari Indonesia (POWO, 2019). Kayu *S. oblongata* dimanfaatkan untuk konstruksi rumah, serat kulit kayu *S. oblongata* digunakan sebagai bahan pembuatan tali dan

berbagai aksesoris (Hanum & Maesen, 1997). *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) mengkategorikan *S. oblongata* ke dalam status *Least Concern* (LC) atau berada dalam keadaan stabil (IUCN, 2021). Meskipun masih tergolong dalam status LC, diperkirakan lebih dari 2 juta hektar hutan rusak setiap tahunnya. Kerusakan hutan di Indonesia akibat pembalakan liar (*illegal logging*) telah mencapai pada fase paling buruk di dunia. Hal tersebut menjadikan upaya konservasi perlu dilakukan agar kelestarian tumbuhan dapat tetap terjaga (Basuki *et al.*, 2013).

Kebun Raya Bogor menjadi salah satu lembaga konservasi *ex situ* di bawah manajemen Pusat Riset Konservasi Tumbuhan dan Kebun Raya, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN). Data koleksi tumbuhan di Kebun Raya Bogor terintegritas dengan jaringan internasional kebun raya (*PlantSearch Data*) dari *Botanic Gardens Conservation International* (Lubis & Rasyidah, 2012; Purnomo, Maghandhi, & Kuswanto, 2015). Kegiatan konservasi tidak hanya bertujuan untuk menjaga jumlah pohon dan populasinya saja, tetapi perlu mengawasi aspek genetik yang sangat berpengaruh pada perkembangan tumbuhan dalam beradaptasi dengan lingkungannya. Konservasi genetik merupakan suatu kegiatan yang bertujuan menjaga keragaman genetik guna memberikan kesempatan bagi spesies tersebut untuk beradaptasi dan berevolusi.

Kegiatan konservasi genetik sangat memerlukan kepastian spesies agar tidak salah dalam pemilihan dan pengkoleksian materi genetiknya (Widyatmoko, 2020).

Sterculia oblongata koleksi Kebun Raya Bogor termasuk ke dalam koleksi tipe. Koleksi tipe biasanya digunakan oleh para ahli biologi sebagai prioritas acuan dalam taksonomi untuk kegiatan identifikasi (IAPT, 2012). Kegiatan identifikasi umumnya dilakukan melalui beberapa pendekatan, seperti morfologi, sitologi, anatomi, dan molekuler (Izza, Amin, & Krispinus, 2018; Fahriz, Farida, & Sri, 2018; Suwila, 2015; Lestari, Rodiyati, & Hendrian, 2018). Namun, kemampuan para ahli biologi untuk mengakses koleksi tipe dari *S. oblongata* koleksi Kebun Raya Bogor terkendala dalam hal jarak yang membuat kegiatan identifikasi menjadi terhambat. Hal tersebut terjadi karena perbedaan wilayah antara Kebun Raya Bogor dengan wilayah persebaran *S. oblongata* di Indonesia. Pendekatan identifikasi yang paling tepat untuk dilakukan dalam keadaan tersebut adalah pendekatan molekuler (Lestari, Rodiyati, & Hendrian, 2018).

Identifikasi menggunakan pendekatan molekuler biasanya menggunakan sumber DNA yang dapat diaplikasikan dalam metode DNA *barcoding* (Rahayu & Jannah, 2019). Data sekuen DNA mempunyai kelebihan yaitu data bersifat obyektif dan memiliki bentuk digital sehingga memungkinkan semua

orang dapat mengaksesnya (Seprianto, 2017). Gen *Cytochrome C Oxydase* sub unit I (COI) telah terpilih dan sering digunakan menjadi gen universal DNA *barcoding* pada hewan karena mampu berdiferensiasi pada sebagian besar filum hewan (Zein, 2018). Sebaliknya, pada tumbuhan belum ada DNA *barcoding* tunggal yang mempunyai tingkat keberhasilan yang sebanding. Sebagian besar DNA *barcoding* pada tumbuhan terdapat pada genom kloroplas, baik di dalam *coding sequences* seperti *ribulose 1,3 bisphosphate carboxylase large chain (rbcL)* dan *maturase K (matK)* atau di dalam *intergenic regions* (seperti *psbA-trnH*) (Loera-Sanchez, Studer, & Kolliker, 2020), meskipun sekarang juga telah digunakan beberapa lokus nukleus seperti *Internal Transcribed Spacer (ITS)* pada DNA *barcoding* tumbuhan (Amstrong *et al.*, 2014).

Berdasarkan penelitian DNA *barcoding* yang dilakukan pada berbagai spesies pohon tropis yang ada di India, Prancis, *the United States of America (USA)*, dan Cina menjelaskan bahwa *psbA-trnH* menjadi gen yang digunakan dalam DNA *barcoding* pada spesies pohon tropis termasuk beberapa tumbuhan dalam genus *Sterculia* (Tripathi *et al.*, 2013; Gonzales *et al.*, 2009; Kress *et al.*, 2009; Liu *et al.*, 2015; Huang *et al.*, 2015). Penelitian yang berbeda juga menyatakan bahwa gen *psbA-trnH* dan ITS menjadi dua kandidat gen yang digunakan pada DNA *barcoding* tumbuhan angiospermae

(Kress & Erikson, 2007). Hal tersebut menjadi alasan gen *psbA-trnH* menjadi pilihan yang tepat untuk digunakan pada DNA *barcoding* dalam genus *Sterculia* yang pada dasarnya tergolong ke dalam tumbuhan angiospermae (Wilkie *et al.*, 2006). Wilayah *psbA-trnH* banyak diusulkan sebagai salah satu *barcode* tumbuhan karena memiliki variasi pada tingkat spesies yang tinggi dan mudah untuk diseleksi, diamplifikasi, dan disekuensing (Degtareva *et al.*, 2012).

Diketahui bahwa data genetik *S. oblongata* belum ditemukan pada *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). NCBI merupakan sebuah divisi dari *National Library of Medicine* (NLM) yang menjadi *homepage* pengakses *genbank* dengan *database* urutan nukleotida yang komprehensif (Benson *et al.*, 2007). Oleh karena itu, penelitian mengenai karakterisasi sekuen DNA pada sekuen *psbA-trnH* tumbuhan *S. oblongata* perlu dilakukan agar dapat membantu kegiatan identifikasi untuk berkontribusi dalam upaya konservasi genetik tumbuhan tersebut.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian yang terdapat pada latar belakang, rumusan masalah yang muncul dalam penelitian ini antara lain:

1. Bagaimana karakteristik sekuen DNA pada gen *psbA-trnH* dari Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.)?

2. Apakah sekuen *psbA-trnH* dapat berperan dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) di Indonesia?

C. Tujuan Penelitian

Berdasarkan rumusan masalah yang muncul dalam penelitian ini, tujuan penelitian ini antara lain:

1. Menganalisis karakteristik sekuen DNA pada sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.);
2. Mengetahui peran sekuen *psbA-trnH* dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) di Indonesia.

D. Manfaat Penelitian

Berdasarkan tujuan yang dapat diambil pada penelitian ini, manfaat yang diharapkan dari penelitian ini antara lain:

1. Manfaat Teoritis

Secara umum penelitian ini bermanfaat untuk pengembangan ilmu pengetahuan dalam bentuk literatur ilmiah atau tambahan referensi dalam bidang genetika molekuler mengenai *S. oblongata* bagi penelitian selanjutnya;

2. Manfaat Praktis

- a. Bagi penulis penelitian ini dapat menjadi sarana yang bermanfaat dalam mengimplementasikan ilmu pengetahuan penulis mengenai bioinformatika;

- b. Bagi masyarakat penelitian ini dapat bermanfaat dalam konfirmasi spesies *S. oblongata* agar tidak terjadi kesalahan dalam pemanfaatannya yang banyak digunakan sebagai tanaman obat;
- c. Bagi institusi kampus UIN Walisongo Semarang penelitian ini dapat bermanfaat dalam upaya kontribusi pencapaian Visi dan Misi UIN Walisongo Semarang menjadi Universitas Islam riset terdepan berbasis kesatuan ilmu pengetahuan;
- d. Bagi Kebun Raya Bogor penelitian ini dapat membantu dalam upaya konservasi genetik tumbuhan di Indonesia, khususnya pada *S. oblongata*.

BAB II

LANDASAN PUSTAKA

A. Kajian Teori

1. Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.)

a. Klasifikasi

Sterculia oblongata tergolong ke dalam genus *Sterculia* dari Famili *Malvaceae* (Wilkie *et al.*, 2006). *S. oblongata* memiliki enam sinonim antara lain: *Clompanus oblongata* (R. Br.) Kuntze, *S. castroi* Merr., *S. forbesii* Warb., *S. kunstleri* King, *S. spectabilis* Miq. dan *S. sumatrensis* Ridl. (POWO, 2019). *Sterculia oblongata* di Filipina dikenal dengan sebutan Malabuho (Ella, 1987), sedangkan masyarakat Indonesia mengenal *S. oblongata* dengan sebutan Hantap. Masyarakat Sunda menyebut tanaman Hantap dengan nama Binong, Hantap Badak, Hantap Beureum, Hantap Dapung, atau Hantap Gede dan masyarakat Jawa menyebut tanaman Hantap dengan nama Kaling, Kalongan, Kebek, Ketok, atau Munung (Asapuri, 2015).

Klasifikasi Hantap (*S. oblongata*) berdasarkan *Catalog of Life* (2021) yaitu:

Kingdom : *Plantae*

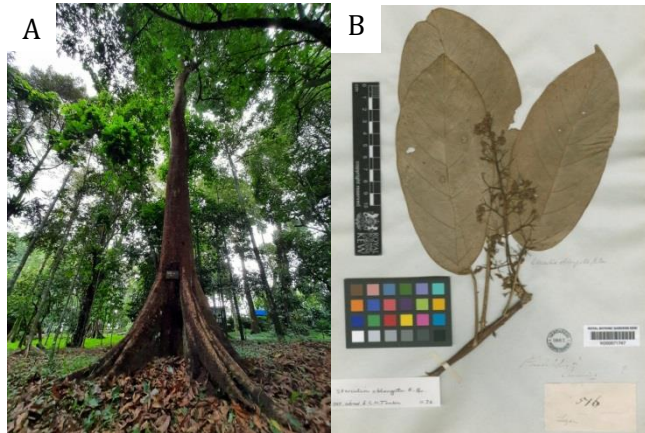
Divisi : *Tracheophyta*

Kelas : *Magnoliopsida*
Ordo : *Malvales* Juss. Ex Bercht. & J. Presl
Famili : *Malvaceae* Juss.
Subfamili : *Sterculioidae* Burnet
Genus : *Sterculia* L.
Spesies : *Sterculia oblongata* R. Br.

b. Habitus

Sterculia oblongata merupakan pohon berukuran kecil atau sedang dengan diameter mencapai 70 cm seperti yang terlihat pada Gambar 2.1 bagian A. Daun *S. oblongata* berbentuk lonjong, ujung daun meruncing, pangkal daun membulat, panjang daun 12 hingga 30 cm, tata letak daun berseling, dan permukaan daun licin. Bunga *S. oblongata* berwarna putih kekuning-kuningan dengan panjang 5 hingga 6 mm dan terdapat pada perbungaan majemuk. Buah *S. oblongata* menggelembung; berbulu; panjang sekitar 5 cm; lebar 3,5 cm; dengan penutup kasar; dan mengandung 4 hingga 6 biji yang panjangnya sekitar 1,5 cm (Brown, 1919). Gambaran morfologi *S. oblongata* berdasarkan herbarium K000671748 koleksi *The Royal Botanic Garden Kew* (dilengkapi dengan *barcode*, kartu warna, penggaris, anotasi tulisan tangan, label anotasi

yang diketik, stempel herbarium, label nomor, label spesimen) disajikan pada Gambar 2.1 bagian B.



Gambar 2.1 *Sterculia oblongata*. A) Habitus dan B) Spesimen herbarium K000671748 (dokumentasi pribadi, 2021; KEW, 2021)

c. Ciri khas

Sterculia oblongata memiliki kayu dengan ciri khas tersendiri. Sebagian besar potongan kulit batang *S. oblongata* berwarna salmon kekuning-kuningan, beberapa tanaman berwarna kuning kecoklatan atau jingga salmon muda (Brown, 1919). Kayu tersebut memiliki corak bergaris-garis, tekstur sedikit kasar, arah serat lurus sampai berpadu, sedikit mengkilap, terasa kesat saat diraba dan lunak (Krisdianto, 2006). Kenampakan kayu *S. oblongata* disajikan pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Kayu *S. oblongata* (dokumentasi pribadi, 2021)

d. Persebaran

Persebaran *S. oblongata* secara lengkap adalah Kalimantan, Sumatera, Sulawesi, Kepulauan Sunda Kecil, bahkan hingga ke Malaya dan Filipina seperti yang disajikan pada Gambar 2.3 (POWO, 2019). IUCN (2021) menyebutkan bahwa persebaran *S. oblongata* yang meluas membuat tanaman ini berada dalam keadaan stabil atau jika merujuk kepada *Red List category* menunjukkan status beresiko rendah atau *Least Concern (LC)*.



Gambar 2.3 Peta persebaran *S. oblongata*. Titik orange menunjukkan persebaran *S. oblongata* (GBIF, 2021)

e. Ekologi

Habitat *S. oblongata* berada di daerah hutan tropis pada dataran rendah yang basah (IUCN, 2021). Hutan tropis dataran rendah yang basah terletak pada daerah yang berada di $23,5^{\circ}$ lintang utara dan $23,5^{\circ}$ lintang selatan, atau daerah bumi bagian utara dan selatan di antara garis *isotherm*. Hutan tropis dataran rendah yang basah ditandai dengan curah hujan yang tinggi, kelembaban udara yang tinggi, temperatur tahunan 20°C - 36°C , dan perbedaan antar musim tidak terlalu jelas (Subagiyo *et al.*, 2019).

Hutan tropis dataran rendah yang basah umumnya memiliki tanah yang relatif subur. Tanah

yang relatif subur tersebut disebabkan oleh suhu, kelembaban, curah hujan (air), intensitas cahaya, dan unsur hara dalam tanah yang tercukupi dengan baik. Faktor kimia dan fisika lingkungan yang baik mendukung perkembangan dan pertumbuhan tanaman yang hidup di wilayah tersebut (Suwardi, Mukhtar, & Syamsuardi, 2013).

f. Manfaat dan kandungan fitokimia

Sterculia oblongata banyak diambil ekstrak kulit kayunya karena mempunyai aktifitas antioksidan (El-Sherei *et al.*, 2016). Antioksidan merupakan senyawa kimia yang dapat menonaktifkan radikal bebas (Sudarmanto & Suhartati, 2015). Penggunaan antioksidan alami dari tumbuhan dipandang lebih baik dan aman dibandingkan dengan antioksidan sintetik (Rosahdi, Kusmiyati, & Wijayanti, 2013).

Kulit kayu *S. oblongata* dapat bermanfaat sebagai antioksidan alami karena mengandung senyawa fenolik (Murningsih *et al.*, 2019). Senyawa fenolik merupakan salah satu kelompok metabolit sekunder yang mempunyai aktifitas antioksidan (Dzialo *et al.*, 2016; Cheynier, 2012). Merujuk pada penelitian Murningsih *et al.* (2019), kulit kayu *S. oblongata* memiliki kandungan fenolik total fraksi *S. oblongata*

(etil asetat, kloroform, dan metanol) yaitu $311,53 \pm 0,120$; $118,68 \pm 0,120$; dan $564,38 \pm 0,417$ mg *gallic acid equivalent* (GAE)/g masing-masing ekstrak tanaman kering.

Ekstrak daun *S. oblongata* juga banyak diambil sebagai bahan pembuatan produk alternatif pangan fungsional seperti minuman jeli (Pamungkas, Sulaeman, & Roosita, 2014). Daun *S. oblongata* juga banyak digunakan sebagai obat sariawan, panas dalam, dan obat bibir pecah-pecah (Herlina *et al.*, 2019). Merujuk pada penelitian Pamungkas Sulaeman, & Roosita (2014), minuman jeli dari ekstrak daun *S. oblongata* memiliki kandungan serat pangan 2,08 g/100g; vitamin C 0,69 mg/100g; total fenol 10,6 GAE/100g; dan kapasitas antioksidan 20,93%.

2. Konservasi Genetik

Konservasi genetik merupakan suatu kegiatan menjaga keragaman genetik suatu spesies dan keragaman genetik suatu populasi. Konservasi genetik disebabkan oleh dua alasan, alasan pertama adalah perubahan lingkungan yang terjadi secara terus menerus dan keragaman genetik dibutuhkan bagi makhluk hidup untuk beradaptasi dan berevolusi untuk menyesuaikan diri

dengan adanya perubahan lingkungan yang terjadi. Alasan kedua adalah keragaman genetik yang menghilang akan menimbulkan potensi *inbreeding* dan kebugaran reproduksi menjadi turun (Frankham, Ballau, & Briscoes, 2002).

Keragaman genetik yang berkurang secara langsung berakibat pada nilai heterogenitas yang turun dalam suatu spesies atau populasi, keadaan tersebut akan membawa dampak terjadinya seleksi terhadap alel-alel tertentu, terutama seleksi pada spesies dengan jumlah spesies kecil. Alel-alel tertentu yang terkena proses seleksi terutama yang berada dalam populasi kecil akan mendorong terjadinya *inbreeding* (Fahmi, 2015).

Inbreeding (silang kerabat) merupakan perkawinan antara individu-individu dengan kekerabatan yang lebih dekat daripada perkawinan individu yang terjadi secara acak. Peningkatan kehomozogitan akan terjadi karena bersatunya alel identik pada satu lokus sebab adanya perkawinan individu yang berkerabat dekat. Kehomozigotan dapat memunculkan ekspresi alel resesif yang sebelumnya tertutupi oleh alel dominan pada tetuanya dalam keadaan heterozigot. Jika sifat yang tidak menguntungkan yang dibawa oleh alel resesif tersebut, maka akan ada penurunan pada penampilan individu atau

biasa dikenal dengan sebutan *inbreeding depression* (depresi silang kerabat) (Sudrajat, Nasrullah, & Woerjono, 2002).

Kegiatan konservasi genetik pada tumbuhan membutuhkan keterlibatan dari genetika molekuler. Genetika molekuler merupakan bidang genetika yang berkaitan dengan struktur dan aktivitas materi genetik yang berada di dalam makhluk hidup, termasuk gen-gen yang mengatur sifatnya. Berbagai penanda molekuler dapat digunakan untuk memperoleh informasi genetik tumbuhan seperti *isozyme*, marka DNA, *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), dan sekuensing (Widyatmoko, 2020).

3. **DNA Barcoding**

DNA *barcoding* merupakan suatu teknik yang dirancang untuk mempermudah dan mempercepat proses identifikasi dan autentifikasi organisme dengan melibatkan potongan gen tertentu dari suatu organisme (Bangol, Momuat, & Kumaunang, 2014). Analisis DNA *barcoding* mampu menunjukkan penyebaran variabilitas interspesies dan intraspesies, hal tersebut menjadi peluang yang sangat cepat dan akurat sebagai penanda untuk identifikasi variasi taksa yang beragam dan menunjukkan beberapa hewan atau tumbuhan dengan

tingkat taksonomi yang belum diketahui (Rahayu & Nugroho, 2015).

Merujuk pada *International Barcode Of Life* (2021), proses DNA *barcoding* terdiri dari empat tahapan. Tahapan-tahapan proses DNA *barcoding* adalah sebagai berikut:

a. Isolasi DNA dari sampel

Isolasi DNA merupakan pemisahan molekul DNA dari komponen sel yang lain (Wahyuni, 2011). Metode isolasi DNA yang umum dilakukan pada tanaman yang banyak mengandung polisakarida dan senyawa polifenol adalah *Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB) dan ada juga yang menggunakan metode isolasi DNA berdasarkan *Plant DNA KIT*. Isolasi DNA umumnya terdiri dari tiga tahapan utama yaitu penghancuran dinding sel (lisis), pemisahan DNA dari komponen padat seperti protein dan selulosa, serta pemurnian DNA (Damanis *et al.*, 2015; Syafaruddin, Randriani, & Santoso, 2011).

b. Amplifikasi target DNA menggunakan PCR

Amplifikasi target DNA dapat menggunakan *Polymerase Chain Reaction* (PCR). PCR merupakan teknik penggandaan fragmen DNA spesifik yang dilakukan secara *in vitro* menjadi jutaan kalinya.

Reaksi enzimatik yang terjadi saat proses polimerasi DNA berlangsung diinisiasi oleh pelekatan primer (Wahyuni, 2011). Siklus PCR secara umum yaitu denaturasi, *annealing*, dan elongasi (Damanis *et al.*, 2015).

Hasil PCR berupa fragmen DNA selanjutnya dielektroforesis. Elektroforesis merupakan teknik yang digunakan untuk memisahkan molekul-molekul organik seperti DNA. Pemisahan tersebut didasarkan pada kecepatan migrasi setiap molekul dalam sebuah medan listrik. Molekul DNA yang bermuatan negatif akan menuju ke kutub positif pada proses elektroforesis. Gel yang umum digunakan pada proses elektroforesis yaitu gel agarosa dan gel poliakrilamid (Yuwono, 2005).

c. Sekuensing hasil PCR

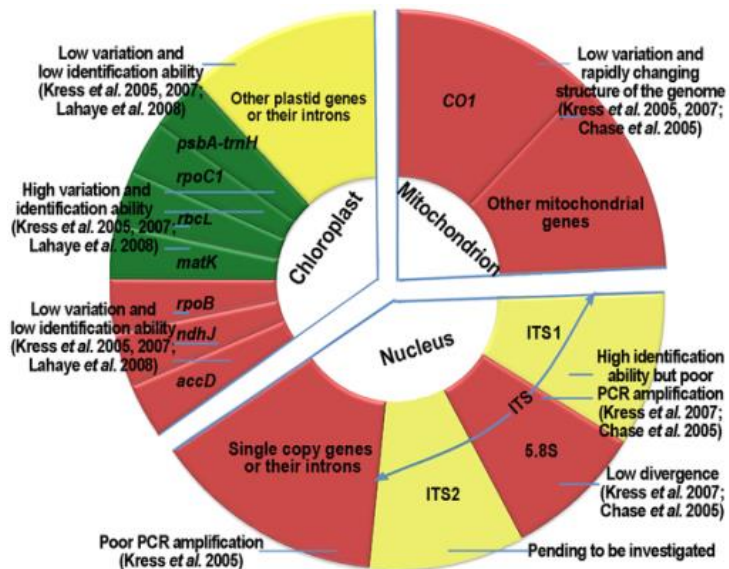
Sekuensing DNA merupakan suatu metode penentuan urutan yang digunakan untuk menentukan urutan basa atau nukleotida dalam suatu fragmen DNA. Terdapat dua metode sekuensing yang umum digunakan yaitu metode *Sanger* (terminasi rantai) dan metode *Maxam-Gilbert* (degradasi kimia). Metode *Sanger* lebih sering digunakan sebagai metode sekuensing dibandingkan

dengan metode *Maxam-Gilbert*. Hal tersebut karena metode *Maxam-Gilbert* menggunakan bahan kimia yang beracun sehingga berbahaya bagi peneliti dalam proses sekuensing. Metode *Sanger* dipilih karena lebih mudah, efisien, praktis, dan telah digunakan dalam sekuensing jutaan nukleotida dari berbagai spesies (Arham, 2015).

- d. Perbandingan hasil sekuensing dengan referensi database terhadap spesies teridentifikasi

Perbandingan hasil sekuensing dengan referensi database dapat dilakukan dengan cara melakukan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST). BLAST merupakan peralatan bioinformatika yang berhubungan dengan pemakaian basis data sekuen biologis. *BLAST search* (pencarian BLAST) pada basis data sekuen memungkinkan pencarian sekuen protein maupun asam nukleat yang mirip dengan sekuen yang di-BLAST. BLAST didasarkan pada algoritma *alignment* (penyejajaran) sekuen. Beberapa manfaat BLAST yaitu menemukan gen sejenis pada beberapa organisme, memeriksa fungsi gen hasil sekuensing, dan memeriksa keabsahan hasil sekuensing (Seprianto, 2017).

Sumber DNA yang dapat digunakan dalam DNA *barcoding* dapat diperoleh dari inti, kloroplas, dan mitokondria (Rahayu & Jannah, 2019). Gen-gen yang umum dijadikan sebagai sumber DNA dalam DNA *barcoding* antara lain yaitu ITS, *rbcl*, *matK*, *psbA-trnH*, *rpoC1*, *rpoB*, *ndh*, *accD* dan COI (Chen *et al.*, 2010; Zein, 2018; Rangkuti *et al.*, 2021). Gen-gen yang menjadi kandidat untuk digunakan dalam DNA *barcoding* tanaman disajikan pada Gambar 2.4.

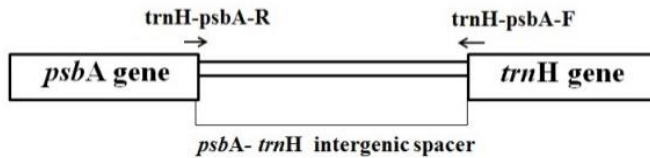


Gambar 2.4 Gen-gen yang digunakan untuk DNA *barcoding* tanaman. Warna hijau menunjukkan *potential barcodes*, warna merah menunjukkan *poor candidates*, dan warna kuning menunjukkan *pending to be investigated* (Chen *et al.*, 2010)

4. *Region psbA-trnH*

Region psbA-trnH merupakan salah satu gen DNA *barcoding* yang banyak digunakan dalam identifikasi tumbuhan. *Region* tersebut berasal dari urutan *noncoding* gen pada kloroplas (Hoveka *et al.*, 2015). Urutan *psbA-trnH* pada semua taksa dicirikan dengan keberadaan basa AT (kodon stop) yang tinggi (66-77%). Hal tersebut menjadi ciri umum pada daerah *noncoding* genom kloroplas tanaman dan menjadi ciri khusus pada *region psbA-trnH* (Degtjareva *et al.*, 2012).

Region psbA-trnH banyak diusulkan sebagai kandidat *barcode* yang berpotensi sebagai DNA *barcoding* karena memiliki variasi yang tinggi dalam genom kloroplas sehingga mampu mengidentifikasi tumbuhan secara spesifik pada tingkat spesies dan memiliki sekuen pendek sekitar 327 bp (tidak lebih dari 700-800 bp) sehingga akan memudahkan proses seleksi, amplifikasi dan sekuensing (Chen *et al.*, 2010; Degtjareva *et al.*, 2012). Gambaran struktur umum sekuen *psbA-trnH* disajikan pada Gambar 2.5.



Gambar 2.5 Struktur umum gen *psbA-trnH* beserta posisi penempelan primer yang digunakan dalam reaksi PCR (Phoolcharoen & Sukrong, 2012)

5. Pemanfaatan Tumbuhan dalam Islam

Tumbuhan yang beragam memiliki potensi untuk dimanfaatkan bagi kepentingan hidup masyarakat Indonesia (Herlina *et al.*, 2019). Hal tersebut selaras dengan yang disebutkan pada penelitian Hikmah (2018) mengenai dalil pemanfaatan tumbuhan dalam QS. Al Baqarah ayat 22, yaitu:

الَّذِي جَعَلَ لَكُمُ الْأَرْضَ فِرَاشًا وَالسَّمَاءَ بِنَاءً وَأَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجَ بِهِ مِنَ الثَّمَرَاتِ رِزْقًا لَكُمْ فَلَا تَجْعَلُوا لِلَّهِ أَنْدَادًا وَأَنْتُمْ تَعْلَمُونَ

“Dialah yang menjadikan bumi sebagai hamparan bagimu dan langit sebagai atap, dan Dia menurunkan air dari langit, lalu Dia menghasilkan dengan hujan itu segala buah-buahan sebagai rezeki untukmu; karena itu jangan kamu mengadakan sekutu-sekutu bagi Allah, padahal kamu mengetahui.”

Kata *الْأَرْضَ فِرَاشًا* pada ayat tersebut berarti “bumi sebagai hamparan”. Selanjutnya diikuti dengan diksi *وَأَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً* yang berarti “Dia menurunkan air dari langit”. As-Showi (2011) menafsiri kata *مَاءً* sebagai air yang menguap ke atmosfer, selanjutnya menjadi awan dan akan

turun di tempat yang Allah kehendaki (air hujan). Selanjutnya diikuti dengan diksi **فَأَخْرَجَ بِهِ مِنَ الثَّمَرَاتِ** yang berarti “lalu Dia menghasilkan dengan hujan itu segala buah-buahan”. Kata **الثَّمَرَاتِ** pada ayat tersebut di dalam Tafsir Al-Jalalyn diawali dengan kata **أَنْوَاعٍ** yang berarti bermacam-macam buah-buahan (Al-Mahalli & As-Suyuthi, 2007). Hal tersebut sesuai dengan keadaan wilayah Indonesia yang beriklim tropis karena memiliki curah hujan tinggi sehingga mengakibatkan tingkat keanekaragaman tumbuhan menjadi tinggi (Audiana, Aatiani, & Ekyastuti, 2020; Wulandari, Sari, & Mahanal, 2017).

Kata **الثَّمَرَاتِ** pada ayat tersebut juga ditafsiri sebagai makanan-makanan yang dimakan manusia dan semua binatang (As-Showi, 2011). Penafsiran tersebut memperkuat bahwa manusia dapat mengambil manfaat dari berbagai macam tumbuhan. Beragam tumbuhan tersebut akan tumbuh dan berbuah kemudian menjadi rezeki bagi manusia sesuai dengan diksi **رِزْقًا لَّكُمْ** yang berarti “sebagai rezeki untukmu” pada QS. Al Baqarah ayat 22 (Syakir & Syakir, 2007).

B. Kajian Penelitian yang Relevan

Beberapa penelitian yang relevan dengan penelitian ini di antaranya yaitu:

Pertama, artikel penelitian oleh Tripathi *et al.* (2013) dari India, dalam *PloS ONE* 8 (2): e57934 dengan judul artikel *The Internal Transcribed Spacer (ITS) Region and trnH-psbA Are Suitable Candidate Loci for DNA Barcoding of Tropical Tree Species of India*. Penelitian ini menjelaskan bahwa ITS dan *psbA-trnH* digunakan sebagai DNA *barcoding* dalam kegiatan inventarisasi keanekaragaman hayati skala besar, terutama pada spesies pohon tropis yang ada di India. Salah satu spesies pohon tersebut yaitu *S. foetida* L. Hasil penelitian menunjukkan pendekatan konservatif ini memiliki tingkat keberhasilan 60-70%, tingkat keberhasilan tersebut lebih besar jika dibandingkan dengan *matK* dan *rbcL* yang memiliki tingkat keberhasilan sebesar 40%.

Kedua, artikel penelitian oleh Gonzales *et al.* (2009) dari Prancis dalam *PloS ONE* 4 (10): e7483 dengan judul artikel *Identification of Amazonian trees with DNA Barcodes*. Penelitian ini menjelaskan bahwa DNA *barcoding* sangat penting untuk mendeteksi kesalahan dalam identifikasi tumbuhan pada spesies pohon tropis yang ada di Guyana Prancis. Salah satu spesies pohon tersebut yaitu *S. pruriens* (Aubl.) Schum. Hasil penelitian menunjukkan bahwa pendekatan molekuler

meningkatkan tingkat keberhasilan identifikasi menjadi 96 %, lebih besar dibandingkan tingkat keberhasilan dengan hanya menggunakan pendekatan morfologi, yaitu 72%. Dari delapan DNA *barcode* yang digunakan (*psbA-trnH*, *trnL*, *rbcL*, *rpoC1*, *rpoB*, *matK*, *ycf5*, dan ITS), *matK* dan ITS memiliki tingkat keberhasilan yang paling rendah.

Ketiga, artikel penelitian oleh Kress *et al.* (2009) dari USA dalam *PNAS*. 106 (44): 18621-18626 dengan judul artikel *Plant DNA Barcodes and A Community Phylogeny of A Tropical Forest Dynamics Plot in Panama*. Penelitian ini menjelaskan bahwa DNA *barcoding* dapat diterapkan pada filogeni komunitas pohon tropis yang ada di USA. Salah satu spesies pohon tersebut yaitu *S. apetala* (Jacq.) H. Karst. Penggunaan analisis filogenetik dalam ekologi komunitas tumbuhan akan membuktikan apakah spesies yang hidup berdampingan memiliki kekerabatan yang dekat atau jauh, hal tersebut menjadi bukti pengaruh utama dari penyaringan habitat menjadi penentu keanggotaan komunitas. Hasil penelitian menunjukkan bahwa penggunaan *intergenic spacer* seperti *psbA-trnH* sebagai DNA *barcode* dipilih karena cenderung memiliki lebih banyak mutasi titik sehingga memberikan lebih banyak informasi filogenetik. Hasil tersebut memperkuat bahwa DNA *barcoding* dapat digunakan sebagai pendekatan yang efisien dan efektif untuk membangun filogeni komunitas.

Keempat, artikel penelitian oleh Liu *et al.* (2015) dari Cina dalam *Divers. Distrib.* 21 (2): 188-199 dengan judul artikel *The Use of DNA Barcoding As A Tool for The Conservation Biogeography of Subtropical Forest in China*. Penelitian ini menjelaskan bahwa DNA *barcoding* dapat diterapkan pada identifikasi pohon tropis hingga tingkat genus. Hal tersebut sangat berguna untuk survei ekologi dan penilaian lingkungan yang digunakan dalam biogeografi konservasi. Pemilihan *psbA-trnH* menjadi salah satu DNA *barcode* pada spesies pohon subtropis yang ada di Cina dipilih karena DNA *barcode* yang berasal dari kloroplas telah terbukti berguna untuk mengidentifikasi pohon hingga tingkat genus di Amazon. Salah satu spesies pohon subtropis yang ada di Cina tersebut yaitu *S. lanceolata* Cav. Hasil penelitian menunjukkan bahwa DNA *barcoding* mampu membedakan sebagian besar genus ke dalam genus monotipik (65,04%). DNA *barcoding* dipercaya sebagai alat yang efektif untuk memfasilitasi inventarisasi keanekaragaman hayati dan biogeografi di flora subtropis.

Kelima, artikel penelitian oleh Huang *et al.* (2015) dari Cina dalam *PloS ONE*. 10 (6): e129295 dengan judul artikel *Application of DNA Barcodes in Asian Tropical Trees – A Case Study from Xishuangbanna Nature Reserve, Southwest China*. Penelitian ini menjelaskan bahwa DNA *barcoding* cocok untuk digunakan dalam identifikasi spesies pohon tropis dari Cagar

Alam Xishuangbanna. Salah satu spesies pohon tersebut yaitu tanaman *S. lanceifolia* Roxb. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *psbA-trnH* menjadi pilihan yang disarankan untuk digunakan pada DNA *barcoding* pada spesies pohon tropis yang ada di Cina dengan tingkat keberhasilan mencapai 93,6%. Hal tersebut mengoreksi adanya kesalahan identifikasi yang dilakukan menggunakan pendekatan morfologi dengan persentase kesalahan sebesar 9,6%.

Keenam, artikel penelitian oleh Duan *et al.* (2019) dari Cina dalam *Scientific Reports. 9: 17295* dengan judul artikel *The Screening and Identification of DNA Barcode Sequences for Rehmannia*. Penelitian ini menjelaskan bahwa DNA *barcoding* dapat digunakan pada identifikasi spesies tumbuhan obat dalam genus *Rehmannia* yang ada di Cina. Namun masih banyak perbedaan pendapat mengenai DNA *barcode* yang dapat digunakan dalam genus tersebut. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari lima kandidat DNA *barcode* (ITS, ITS2, *matK*, *rbcL*, dan *psbA-trnH*), kombinasi antara ITS2 dengan *psbA-trnH* disarankan untuk digunakan sebagai DNA *barcoding* dalam genus *Rehmannia* karena mampu membedakan hingga ke tingkat kultivar atau varietas liar.

C. Hipotesis

Berdasarkan rumusan masalah yang terdapat dalam penelitian ini, hipotesis yang muncul pada penelitian ini yaitu:

1. H₀: Tidak terdapat karakteristik sekuen DNA pada gen *psbA-trnH* dari Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.).

H₁: Terdapat karakteristik sekuen DNA pada gen *psbA-trnH* dari Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.).

2. H₀: Tidak terdapat peran sekuen *psbA-trnH* dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) di Indonesia.

H₁: Terdapat peran sekuen *psbA-trnH* dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*Sterculia oblongata* R. Br.) di Indonesia.

BAB III

METODE PENELITIAN

A. Tempat dan Waktu Penelitian

Lokasi penelitian ini berada di Laboratorium Treub, Pusat Riset Konservasi Tumbuhan dan Kebun Raya, Badan Riset dan Inovasi Nasional pada bulan Januari-Februari 2021. Selanjutnya, penelitian dilanjutkan di Prodi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Walisongo Semarang pada bulan November-Desember 2021.

B. Alat dan Bahan

1. Alat

Alat-alat yang digunakan meliputi: gunting tanaman, plastik klip, spatula, mortar, *pestle*, mikrotube, rak mikrotube, kulkas (LG), pinset, mikropipet (eppendorf), *vortex mixer* (VWR), *heatblock* (VWR), sentrifuge (Spectrafuge 24D), *spindown* (Benchmark), *thermal cycler* (TAKARA Gradient), Erlenmeyer (Iwaki), neraca analitik (Precisa XT220A), aluminium foil, *microwave* (Sharp), sarung tangan kain, set elektroforesis (Mupid-EXU), *UV trans-illuminator gel documentation system* (EZ Imager Bio-Rad).

2. Bahan

Bahan-bahan yang digunakan untuk proses isolasi DNA, amplifikasi dan elektroforesis dalam penelitian ini tersaji dalam Tabel 3.1.

Tabel 3.1 Bahan-Bahan Penelitian

No.	Tahapan	Bahan
1.	Isolasi DNA	Kulit batang <i>S. oblongata</i> , pasir silika, kloroform dan <i>Plant Genomic DNA kit (TIANGEN)</i> , <i>spin column CB3 (TIANGEN)</i> .
2.	Ampifikasi	DNA total kulit batang <i>S. oblongata</i> , 2x DreamTaq Green PCR Master Mix, <i>sequence psbA-trnH forward (IDT)</i> , <i>sequence psbA-trnH reverse (IDT)</i> , ddH ₂ O.
3.	Elektroforesis	Serbuk gel agarosa (Thermoscientific R0491), TAE (Thermoscientific 50X HB49), GelRed (Biotium 41003), <i>marker (Thermoscientific SM0311 1 kb DNA Ladder)</i> .

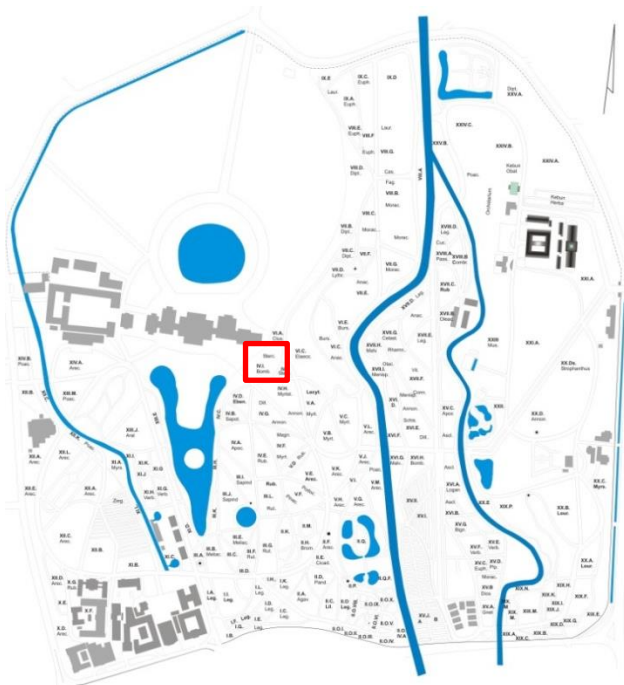
Tabel 3.2 Primer Amplifikasi *S. oblongata* (Costion *et al.*, 2011)

No.	Primer	Sekuen 5'-3'
1.	<i>psbA-trnH forward</i>	GTTATGCATGAACGTAATGCTC
2.	<i>psbA-trnH reverse</i>	CGCGCATGGTGGATTCAATCC

C. Metode

1. Pengambilan Sampel

Sampel *S. oblongata* diambil dari koleksi tumbuhan di vak IV.I Kebun Raya Bogor yang disajikan pada Gambar 3.1. Sampel diambil dengan mencungkil kulit batang secara langsung dari pohonnya. Selanjutnya, sampel kulit batang dimasukkan ke dalam plastik klip dan diberi label 80A sesuai dengan kode pohon.



Gambar 3.1 Peta lokasi pengambilan sampel kulit batang *S. oblongata*. Warna merah menunjukkan lokasi *S. oblongata* (Subbidang Registrasi Kebun Raya Bogor, 2021)

2. Isolasi DNA

a. Penggerusan Sampel

Kulit batang *S. oblongata* segar diambil dan dipotong-potong menggunakan gunting tanaman menjadi ukuran kecil-kecil dan diletakkan pada mortar. Pasir silika sebanyak satu sendok spatula dimasukkan ke dalam mortar kemudian dilakukan penggerusan menggunakan *pestle* hingga sampel kulit batang menjadi serbuk. Serbuk (campuran pasir silika dan kulit batang) yang sudah halus dimasukkan ke dalam mikrotube berukuran 1,5 mL sebanyak 0,1 mL yang akan digunakan untuk ekstraksi dan sisanya dimasukkan ke dalam mikrotube berukuran 2 mL untuk disimpan sebagai stok (serat tanaman yang tidak tergerus tidak dimasukkan ke dalam mikrotube).

b. Isolasi DNA

Isolasi DNA total kulit batang *S. oblongata* dilakukan sesuai manual *Plant Genomic DNA kit* (TIANGEN). Sebanyak 700 μL larutan GP1 ditambahkan ke dalam mikrotube berukuran 1,5 mL yang telah berisi 0,1 mL serbuk (campuran pasir silika dan kulit batang) kemudian mikrotube divortex selama 10-20 detik (pastikan tidak ada lagi

gumpalan), lalu mikrotube diinkubasi menggunakan *heatblock* selama 20 menit pada suhu 65 °C (dilakukan *invert*/pembalikan mikrotube dalam selang waktu 5 menit).

Sebanyak 700 µL kloroform ditambahkan ke dalam mikrotube dan dilakukan *invert* beberapa kali, kemudian mikrotube disentrifugasi selama 5 menit dengan kecepatan 12.000 rpm. Supernatan pada mikrotube dipindahkan ke dalam mikrotube baru lalu dicampur dengan 700 µL buffer GP2 dan dilakukan *invert* beberapa kali. Semua larutan yang ada di dalam mikrotube dipindahkan ke dalam *spin column* CB3 dan disentrifugasi selama 30 detik dengan kecepatan 12.000 rpm, kemudian supernatan dibuang (pemipetan dan sentrifugasi dilakukan dua kali karena *spin column* CB3 hanya berkapasitas 700 µL).

Sebanyak 500 µL buffer GD yang telah dicampur dengan etanol 96% ditambahkan ke dalam *spin column* CB3, kemudian disentrifugasi selama 30 detik dengan kecepatan 12.000 rpm, lalu supernatan dibuang. Sebanyak 700 µL larutan PW yang telah dicampur dengan etanol 96% ditambahkan ke dalam *spin column* CB3 untuk mencuci membran, kemudian

disentrifugasi selama 30 detik dengan kecepatan 12.000 rpm, lalu supernatan dibuang.

Sebanyak 500 μL larutan PW yang telah dicampur dengan etanol 96% ditambahkan ke dalam *spin column* CB3 untuk mencuci membran, kemudian disentrifugasi selama 2,5 menit dengan kecepatan 12.000 rpm, kemudian supernatan dibuang dan *spin column* CB3 dipindahkan ke dalam mikrotube ukuran 1,5 mL. Sebanyak 100 μL buffer TE ditambahkan ke dalam *spin column* CB3 yang ada pada mikrotube dan diinkubasi selama 5 menit pada suhu ruang (24 °C), kemudian disentrifugasi selama 2 menit dengan kecepatan 12.000 rpm. Selanjutnya *spin column* CB3 dibuang.

3. Amplifikasi Sekuen *psbA-trnH*

Komposisi reaksi amplifikasi menggunakan PCR terdiri atas: primer *forward* dan primer *reverse* sekuen *psbA-trnH* seperti yang tertera pada Tabel 3.2. Reaksi PCR untuk keperluan konfirmasi keberadaan adanya DNA dilakukan dalam volume total 13 μL (2 μL DNA *template*; 1 μL primer *reverse*; 1 μL primer *forward*; 3 μL ddH₂O dan 6 μL *DreamTaq Green PCR Master Mix* (2X)). Reaksi PCR untuk keperluan sekuensing dilakukan dalam volume total 50 μL (5 μL DNA *template*; 1,5 μL primer *reverse*; 1,5

μ L primer *forward*; 17 μ L ddH₂O dan 25 μ L *DreamTaq Green PCR Master Mix (2X)*).

Proses PCR diawali dari pra-denaturasi DNA *template* selama 5 menit pada suhu 94°C, selanjutnya DNA *template* didenaturasi selama 15 detik pada suhu 94 °C, kemudian dilakukan proses *annealing* (penempelan primer) selama 15 detik pada suhu 54 °C. Proses polimerisasi DNA (*extention*) dilakukan selama 15 detik pada suhu 72 °C dan proses polimerisasi DNA akhir (*final extention*) dilakukan selama 7 menit pada suhu 72 °C. Siklus ini dilakukan sebanyak 35 kali (Costion *et al.*, 2011).

4. Elektroforesis

Pita DNA hasil PCR dielektroforesis menggunakan gel agarosa 1%. Gel agarosa 1% dibuat dengan cara serbuk agarosa ditimbang sebanyak 0,8 gram. Sebanyak 0,8 gram serbuk agarosa ditambahkan larutan TAE (Tris-Asetat-EDTA) 1X hingga mencapai volume 80 mL, lalu larutan agarosa dipanaskan menggunakan *microwave* selama 2 menit. Larutan agarosa yang telah mendidih didiamkan selama 30 detik dan ditambahkan *gel red* sebanyak 1 μ L, kemudian larutan agarosa dituangkan ke dalam cetakan yang sudah dipasang sisiran sumur dan larutan gel agarosa didiamkan selama 15-30 menit hingga memadat.

Cetakan dan sisiran sumur dilepas dari gel agarosa yang telah memadat, kemudian gel agarosa direndam pada larutan TAE 1X pada perangkat elektroforesis. Sebanyak 3 μ L DNA *ladder* dan 5 μ L produk PCR dipindahkan ke dalam sumuran yang berbeda pada gel agarosa. Selanjutnya, proses elektroforesis dijalankan selama 30 menit. Hasil elektroforesis kemudian divisualisasi menggunakan UV-Transiluminator. Selanjutnya produk PCR disekuensing di 1st BASE DNA *Sequencing Services*, Singapura.

5. Analisis Data

Sekuen DNA yang didapat dalam bentuk kromatogram disunting menggunakan software *Molecular Evolutionary Genetics Analysis X* (MEGA X) (Kumar *et al.*, 2018) dan BioEdit versi 7.2.6.1 (Hall, 1999). Bagian awal dan akhir DNA dihapus sebanyak beberapa bp. Hasil sekuensing DNA dari primer *reverse* dikomplemen melalui proses *reverse complement*, kemudian digabungkan dengan hasil sekuensing primer *forward* menggunakan ClustalW (Aprilyanto & Sembiring, 2016). Hasil suntingan *psbA-trnH S. oblongata* kemudian dianalisis menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) guna membandingkan urutan sekuen *psbA-trnH S. oblongata* dengan kerabat terdekat yang dapat diakses melalui

laman *genbank* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Kemudian analisis secara *in-silico* dilakukan terhadap sekuen *psbA-trnH* dari kerabat terdekat *S. oblongata* (Bangol, Momuat, & Kumaunang, 2014). Pohon filogenetik direkonstruksi menggunakan metode statistik *Maximum Parsimony* dengan algoritma *Subtree-Pruning-Regrafting* (SPR) dan nilai *bootstrap replications* 1000 (Felsenstein, 1985; Hedges, 1992; dan Hoang *et al.*, 2018). Secara umum, alur penelitian ini disajikan pada Gambar lampiran 1.

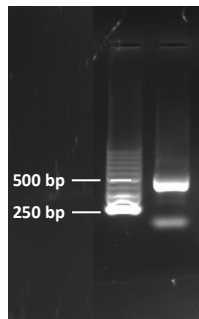
BAB IV

HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

A. Deskripsi Hasil Penelitian

1. Hasil Isolasi dan Amplifikasi DNA *Sterculia oblongata*

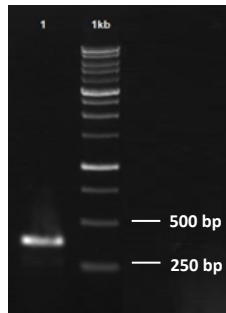
Isolasi DNA *S. oblongata* koleksi Kebun Raya Bogor (80A) yang telah dilakukan mengikuti prosedur manual *Plant Genomic DNA kit* (TIANGEN) dan diamplifikasi disajikan pada Gambar 4.1. Hasil isolasi dan amplifikasi (produk PCR) yang didapat telah sesuai target, yaitu ± 327 bp.



Gambar 4.1 Visualisasi elektroforesis produk PCR dari sampel *S. oblongata* sekuen *psbA-trnH*. 1 kb: Ladder 1 kb dan 1: Sampel *S. oblongata* 80A

Hasil isolasi dan amplifikasi DNA *S. oblongata* yang telah terkonfirmasi adanya DNA dikirim ke 1st BASE DNA Sequencing Services, Singapura. Sampel DNA yang dikirim kemudian dielektroforesis kembali untuk pengecekan

kualitas amplicon. Hasil visualisasi elektroforesis produk PCR *S. oblongata* disajikan pada Gambar 4.2.



Gambar 4.2 Visualisasi elektroforesis produk PCR sekuen *psbA-trnH* *S. oblongata* untuk pengecekan kualitas amplicon. 1 kb: Ladder 1 kb dan 1: Sampel *S. oblongata* 80A

2. Hasil Sekuensing dari Amplicon Produk PCR

Produk PCR hasil amplifikasi sekuen *psbA-trnH* dari sampel *S. oblongata* selanjutnya disekuensing agar dapat dibaca secara visual. Amplicon produk PCR disekuensing di 1st BASE DNA Sequencing Services, Singapura. Data hasil sekuensing dikirim dalam format AB1 file sebanyak dua file yaitu sekuen *forward* dan *reverse*, karena proses sekuensing diproses sebanyak dua kali melalui primer *forward* dan *reverse*. Data yang dihasilkan berupa grafik fragmen DNA hasil sekuensing (kromatogram) disajikan pada Gambar lampiran 2. Terdapat empat macam basa yang menyusun sekuen DNA hasil sekuensing, yaitu

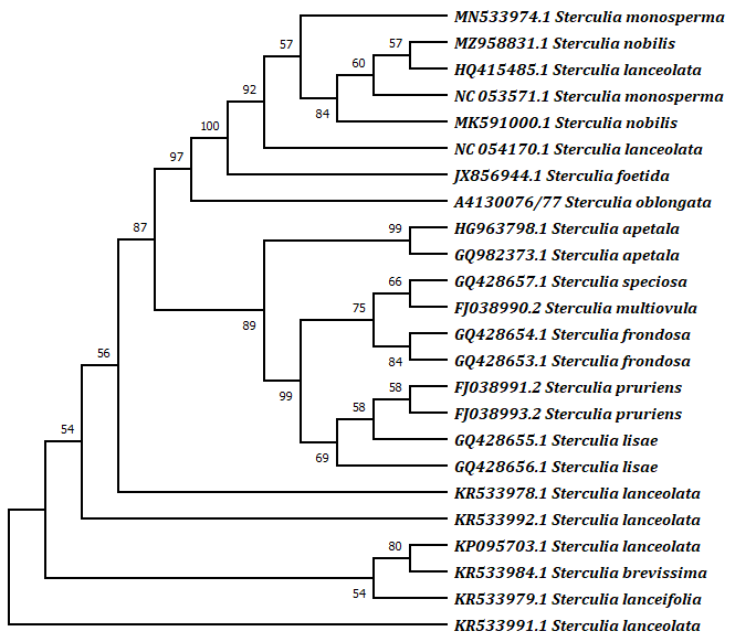
adenin (A), guanin (G), timin (T), dan sitosin (C). Sekuen DNA tersebut disajikan pada Lampiran 3.

3. Analisis DNA *Barcoding Sterculia oblongata*

Kromatogram hasil sekuensing dianalisis dengan melihat grafik pada sekuen *forward* dan *reverse*. Kedua sekuen tersebut disusun menjadi contig menjadi satu set sekuen DNA yang mewakili sekuen *forward* dan *reverse* yang disajikan pada Lampiran 4. Analisis DNA *barcoding* dilakukan dengan membandingkan sekuen *S. oblongata* dengan sekuen yang ada pada *genbank* (NCBI). Analisis tersebut dilakukan menggunakan metode BLAST pada program *Nucleotide* BLAST (BLASTn) di laman NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). BLASTn didasarkan pada algoritma *alignment* sekuen nukleotida. Hasil BLASTn disajikan pada Tabel lampiran 5.

Sebanyak 23 sekuen hasil BLASTn di *genbank* dari genus *Sterculia* dipilih untuk dilakukan proses *alignment* dan rekonstruksi pohon filogenetik. Daftar sekuen tersebut disajikan pada Tabel lampiran 6. Sekuen sampel dan 23 sekuen *Sterculia* hasil BLASTn di *genbank* selanjutnya di-*alignment* menggunakan program ClustalW (Aprilyanto & Sembiring, 2016). Hasil *alignment* disajikan pada Lampiran 7 dan komposisi masing-masing sekuen hasil *alignment* dapat dilihat pada Tabel 4.1. Sekuen hasil

alignment selanjutnya dianalisis dengan melihat jarak genetiknya. Analisis jarak genetik dapat dilihat pada tabel *pairwise distances* yang ada pada tabel Lampiran 8. Sekuen hasil *alignment* dikonstruksikan dalam bentuk pohon filogenetik menggunakan metode statistik *Maximum Parsimony* dengan algoritma *Subtree-Pruning-Regrafting* (SPR) dan nilai *bootstrap replications* 1000 (Felsenstein, 1985). Hasil analisis pohon filogenetik dapat dilihat pada Gambar 4.3.



Gambar 4.3 Pohon filogenetik *Sterculia* spp. berdasarkan *Maximum Parsimony*. Angka yang tertera pada nodus menunjukkan nilai *bootstrap*

Tabel 4.1 Persentase komposisi nukleotida sekuen *psba-trnH* hasil *alignment* sekuen sampel dan 23 sekuen hasil BLASTn di *genbank* dari genus *Sterculia*

No.	Sekuen	Komposisi Nukleotida (%)				Total (bp)
		T	C	A	G	
1.	MN533974.1 <i>Sterculia monosperma</i>	30,1	16,2	39,2	14,5	339
2.	MZ958831.1 <i>Sterculia nobilis</i>	29,8	16,5	39,2	14,5	339
3.	MK591000.1 <i>Sterculia nobilis</i>	29,8	16,5	39,2	14,5	339
4.	NC_053571.1 <i>Sterculia monosperma</i>	29,8	16,5	39,2	14,5	339
5.	HG963798.1 <i>Sterculia apetala</i>	29,2	13,7	31,4	15,7	344
6.	NC_054170.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	30,5	13,1	42,0	14,4	305
7.	HQ415485.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	29,8	12,7	42,5	15,1	292
8.	JX856944.1 <i>Sterculia foetida</i>	30,7	12,7	42,5	14,1	306
9.	GQ428657.1 <i>Sterculia speciosa</i>	37,8	14,6	31,0	16,7	323
10.	FJ038991.2 <i>Sterculia pruriens</i>	37,5	14,6	31,0	17,0	323
11.	GQ428656.1 <i>Sterculia sp. lisae</i>	37,5	14,6	31,0	17,0	323
12.	GQ428655.1 <i>Sterculia sp. lisae</i>	37,5	14,6	31,0	17,0	323
13.	GQ428654.1 <i>Sterculia frondosa</i>	37,5	14,9	31,0	16,7	323
14.	GQ428653.1 <i>Sterculia frondosa</i>	37,5	14,9	31,0	16,7	323
15.	KP095703.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	43,8	12,7	30,8	12,7	260
16.	KR533978.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	43,1	11,8	30,2	14,9	262
17.	GQ982373.1 <i>Sterculia apetala</i>	41,0	11,2	31,9	15,9	295
18.	KR533992.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	45,7	11,5	30,5	12,3	243

Tabel 4.1 Lanjutan

No.	Sekuen	Komposisi Nukleotida (%)				Total (bp)
		T	C	A	G	
19.	KR533991.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	45,7	11,5	30,5	12,3	243
20.	KR533979.1 <i>Sterculia lancefolia</i>	44,4	11,6	30,0	14,0	250
21.	FJ038990.2 <i>Sterculia multiovula</i>	38,5	13,6	31,2	16,6	301
22.	KR533984.1 <i>Sterculia brevissima</i>	44,4	11,6	29,6	14,4	250
23.	FJ038993.2 <i>Sterculia pruriens</i>	39,3	12,5	31,4	16,8	280
24.	4130076/77 <i>Sterculia oblongata</i>	40,2	13,6	31,4	14,8	331
	Rata-rata	37,1	13,8	33,9	15,2	302,3

B. Pembahasan Hasil Penelitian

Hasil visualisasi elektroforesis produk PCR dari sampel *S. oblongata* sekuen *psbA-trnH* memperlihatkan adanya pita DNA yang tervisualisasi seperti yang tersaji pada Gambar 4.1. Hal tersebut menunjukkan bahwa DNA berhasil diisolasi dan diamplifikasi. DNA yang didapatkan sesuai dengan target DNA yang diisolasi dari sekuen *psbA-trnH*, yaitu \pm 327 bp (Degtjareva *et al.*, 2012). Hal tersebut dapat dilihat melalui DNA ladder 1 kb yang digunakan sebagai pengukur perkiraan panjang sekuen DNA yang tervisualisasi seperti yang tersaji pada Gambar 4.1. Hasil visualisasi elektroforesis produk PCR dari sampel *S. oblongata* memperlihatkan pita yang tebal dan terdapat sedikit *smear*. Pita yang tebal menandakan bahwa DNA yang didapat memiliki jumlah yang banyak. Adanya *smear* yang muncul menandakan terdapat materi selain DNA yang ikut terisolasi seperti protein, sisa dari larutan-larutan isolasi yang masih terbawa, atau dapat berupa DNA yang terfragmentasi (Iqbal, Buwono, & Kurniawati, 2016). DNA yang telah terkonfirmasi keberadaannya pada produk PCR dari sampel *S. oblongata* sekuen *psbA-trnH* dapat dikirim ke 1st BASE DNA Sequencing Services, Singapura untuk keperluan sekuensing.

Hasil visualisasi elektroforesis produk PCR dari sampel *S. oblongata* sekuen *psbA-trnH* untuk pengecekan kualitas

amplikon memperlihatkan adanya pita DNA yang tervisualisasi seperti yang tersaji pada Gambar 4.2. Hal tersebut menunjukkan bahwa DNA berhasil diisolasi dan diamplifikasi. DNA yang tervisualisasi sesuai dengan target DNA yang diisolasi dari sekuen *psbA-trnH*, yaitu ± 327 bp (Degtjareva *et al.*, 2012). Produk PCR yang berhasil diisolasi tersebut selanjutnya dibaca secara visual melalui proses sekuensing.

Kromatogram hasil sekuensing produk PCR sekuen *psbA-trnH S. oblongata* seperti yang tersaji pada Gambar lampiran 2 diedit dan digabung untuk mendapatkan sekuen tunggal (contig) yang baik menggunakan *software* MEGA X (Kumar *et al.*, 2018). Sekuen hasil contig dari sekuen *forward* dan *reverse* seperti yang tersaji pada Lampiran 4 memiliki panjang sekuen 350 bp. Persentase komposisi sekuen tersebut terdiri atas 39,7% nukleotida T; 13,7% nukleotida C; 30,6% nukleotida A; dan 16,0% nukleotida G. Komposisi tersebut sesuai dengan komposisi sekuen *psbA-trnH* yang banyak mengandung nukleotida A dan T yang tinggi (Degtjareva *et al.*, 2012).

Sekuen hasil contig dianalisis dengan cara melakukan BLASTn seperti yang tersaji pada Tabel lampiran 5, menunjukkan adanya 100 sekuen yang mirip dengan sekuen sampel *S. oblongata*. Analisis BLASTn memperhatikan beberapa parameter identifikasi yaitu *percent query cover*,

expectation value, dan *percent identity*. *Percent query cover* menggambarkan persentase nukleotida yang sama dengan sekuen yang ada pada *genbank*. *Expectation value* menunjukkan jumlah perbedaan *alignment* dengan skor yang sesuai dan diharapkan terdapat pada *genbank*. Semakin rendah nilai *expectation value*, maka semakin rendah perbedaan sekuennya (tingkat homologi sekuen tinggi). *Percent identity* menunjukkan persentase keserasian tertinggi dari suatu sekuen dengan subyek sekuen yang sama (Isda & Sofiyanti, 2019). Pemilihan 23 sekuen hasil BLASTn di *genbank* dari genus *Sterculia* seperti yang tersaji pada Tabel lampiran 6 didasarkan pada nilai *percent query cover* yang tinggi yaitu berada pada rentang 70% hingga 100%; nilai *expectation value* yang rendah yaitu pada rentang $1e-124$ hingga $9e-161$; dan nilai *percent identity* yang tinggi yaitu berada pada rentang 91,16% hingga 98,47%.

Sekuen sampel dan 23 sekuen hasil BLASTn di *genbank* dari genus *Sterculia* yang telah di-*alignment* menggunakan program ClustalW seperti yang tersaji pada Lampiran 7. Program ClustalW merupakan program yang umum digunakan untuk membuat *multiple sequence alignment* (Aprilyanto & Sembiring, 2016). Beberapa keunggulan program ClustalW yaitu dapat berjalan dengan daftar sekuen DNA atau protein, dapat berjalan hampir di semua platform, dilengkapi untuk

menangani redundansi dan memberikan pilihan yang bagus, dapat menangani banyak format input (FAST, Swiss-Prot dan PIR), dan berjalan dengan lebih cepat walaupun data yang diinput besar hingga 500 sekuen (Alzohairy, 2008).

Rata-rata panjang sekuen dari semua sekuen yang di-*alignment* seperti yang terlihat pada Tabel 4.1 memiliki panjang sekuen 302,3 bp dengan sekuen paling panjang yaitu 339 bp (MN533974.1, MZ958831.1, MK591000.1, dan NC_05371.1) dan sekuen paling pendek yaitu 243 bp (KR533992.1 dan KR533991.1). Rata-rata persentase komposisi nukleotida yang terlihat pada Tabel 4.1 menunjukkan bahwa nukleotida T dan A memiliki jumlah yang paling banyak yaitu 37,1% dan 33,9%. Jumlah tersebut berada di atas jumlah nukleotida C dan G yaitu 13,8% dan 15,2%. Hal tersebut sesuai dengan rata-rata panjang sekuen *psbA-trnH* yaitu \pm 327 bp dan komposisi sekuen *psbA-trnH* yang banyak mengandung nukleotida T dan A yang tinggi (Degtjareva *et al.*, 2012).

Analisis jarak genetik dilakukan untuk melihat hubungan kekerabatan. Jarak genetik merupakan ukuran divergensi genetik antar spesies atau antar populasi dengan spesies (Nei, 1987). Semakin rendah nilai jarak genetik pada suatu spesies, maka hubungan kekerabatannya semakin dekat (Aprilyanto & Sembiring, 2016). Analisis jarak genetik pada sekuen yang

telah di-*alignment* seperti yang terlihat pada tabel *pairwise distances* yang ada pada tabel Lampiran 8 menunjukkan bahwa sekuen yang memiliki jarak genetik terendah dengan sekuen sampel 4130076/77 *Sterculia oblongata* yaitu sekuen JX856944.1 *Sterculia foetida* dengan jarak genetik sebesar 0,0115 dan sekuen yang memiliki jarak genetik tertinggi dengan sekuen sampel yaitu sekuen KP095703.1 *Sterculia lanceolata* dengan jarak genetik sebesar 0,6190. Hal tersebut menunjukkan bahwa jika dilihat berdasarkan jarak genetiknya, maka *S. foetida* dengan nomor aksesori JX856944.1 memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan *S. oblongata* dan *S. lanceolata* dengan nomor aksesori KP095703.1 memiliki hubungan kekerabatan yang paling jauh dengan *S. oblongata*.

Analisis filogenetik dilakukan menggunakan metode statistik *Maximum Parsimony* dengan algoritma SPR dan 1000 kali *bootstrap replications* (Felsenstein, 1985), seperti yang tersaji pada Gambar 4.3. Metode statistik *Maximum Parsimony* memilih pohon yang memiliki perubahan evolusioner paling sedikit atau panjang cabang keseluruhan terpendek. Metode ini merupakan pilihan yang baik untuk digunakan dalam analisis filogenetik karena pohon dengan jumlah substitusi paling sedikit menjelaskan perbedaan di antara taksa yang diteliti dengan baik. Proses komputasi berlangsung

memproses situs informatif atau situs-situs yang memiliki informasi genetik terkaya. Situs informatif setidaknya memiliki dua karakter yang berbeda dan masing-masing muncul setidaknya dua kali. Situs yang konstan dan perubahannya hanya sekali (situs noninformatif) akan dibuang karena memiliki status yang sama di semua taksa (Xiong, 2006). Contoh identifikasi situs informatif dan noninformatif dapat dilihat pada Gambar 4.4.

taxa \ sites	1	2	3	4	5	6	7	8
I	A	A	T	T	A	G	C	T
II	G	G	T	C	G	T	A	G
III	A	A	T	G	C	G	C	T
IV	A	G	T	A	A	G	C	A
V	A	C	T	T	C	G	C	G
VI	A	C	A	T	G	G	C	A

Gambar 4.4 Contoh identifikasi situs informatif yang digunakan dalam analisis *Maximum Parsimony*. Situs 2, 5, dan 8 (kotak abu-abu) adalah situs informatif; sedangkan situs yang lain adalah situs noninformatif (Xiong, 2006)

Algoritma SPR yang digunakan pada metode statistik *Maximum Parsimony* memangkas sebuah subpohon dan kemudian dicangkokkan kembali pada posisi yang berbeda di pohon yang tersisa. Proses tersebut memungkinkan pembuatan pohon filogenetik yang lebih baik dengan menghindari situs noninformatif sehingga pencarian situs informatif pada metode statistik *Maximum Parsimony* dapat

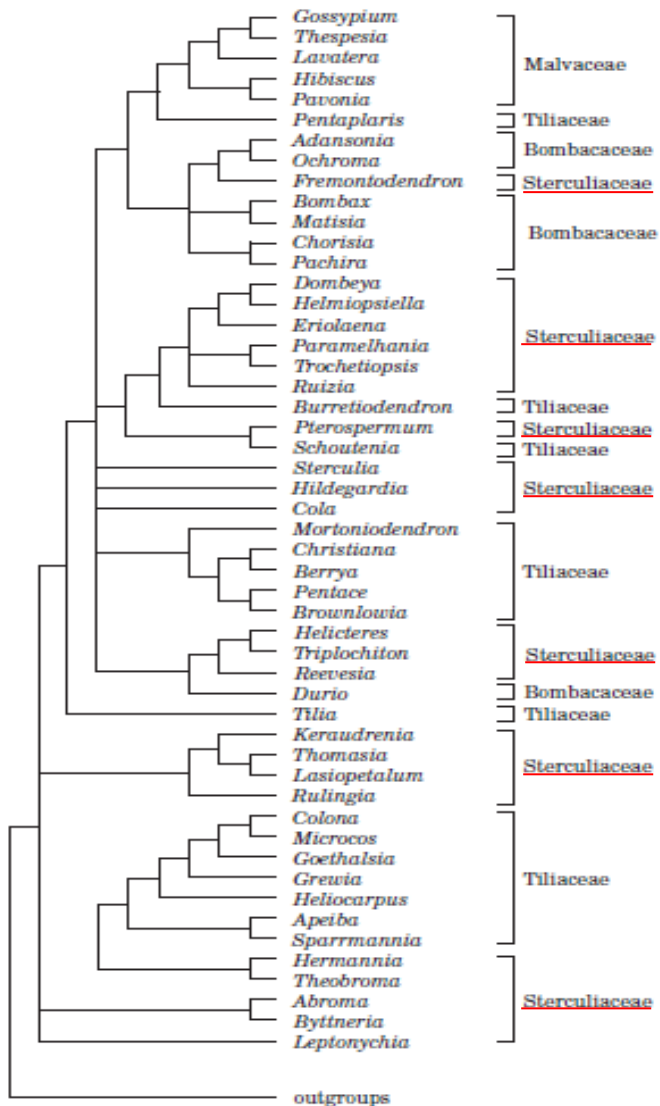
berjalan lebih efisien (Hordijk & Gascuel, 2005). Hoang *et al.* (2018) merekomendasikan penggunaan radius SPR pada angka yang lebih besar dari 6, yaitu pada angka 10. Meskipun menimbulkan waktu komputasi yang lebih lama, namun mampu menghasilkan pohon filogenetik metode statistik *Maximum Parsimony* yang lebih baik. Radius SPR pada angka 10 menunjukkan keseimbangan terbaik dalam penentuan akurasi *bootstrap replications*.

Bootstrap replications yang digunakan pada pembuatan pohon filogenetik seperti yang terlihat pada Gambar 4.3, yaitu 1000 ulangan. *Bootstrap replications* tersebut digunakan untuk menguji validitas topologi pohon filogenetik. Waktu yang dibutuhkan untuk pembuatan pohon filogenetik ditentukan oleh *bootstrap replications*. Ketika *bootstrap replications* yang digunakan lebih rendah, maka waktu pembuatan pohon filogenetik menjadi lebih cepat (Hoang *et al.*, 2018). Meskipun ahli biologi mungkin hanya menggunakan *bootstrap replications* 100 ulangan untuk mengurangi waktu penyelesaian analisis mereka, studi teoritis merekomendasikan penggunaan beberapa ribu ulangan untuk mendapatkan hasil yang sangat baik (Hedges, 1992). Nilai *bootstrap* memiliki beberapa kategori yaitu sangat lemah (<50%), lemah (50-69%), moderat (70-85%), dan tinggi (>85%) (Lestari, Azrianingsih, & Hendrian, 2018).

Hasil analisis pohon filogenetik yang terlihat pada Gambar 4.3 memperkuat analisis jarak genetik pada pembahasan sebelumnya yang menyatakan bahwa *S. foetida* dengan nomor aksesori JX856944.1 memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan *S. oblongata* dan *S. lanceolata* dengan nomor aksesori KP095703.1 memiliki hubungan kekerabatan yang jauh dengan *S. oblongata*. Pada Gambar 4.3 memperlihatkan bahwa *S. oblongata* berada dalam satu klad dengan *S. foetida* dengan nomor aksesori JX856944.1. Klad tersebut memiliki nilai *bootstrap* sebesar 97%, nilai *bootstrap* tersebut masuk dalam kategori nilai *bootstrap* yang tinggi karena lebih besar dari 85%. Sedangkan *S. oblongata* berada dalam klad yang jauh dengan *S. lanceolata* dengan nomor aksesori KP095703.1. Klad tersebut memiliki nilai *bootstrap* di bawah 50% yang tidak tertera dalam pohon filogenetik yang terlihat pada Gambar 4.3. Hal tersebut karena nilai *bootstrap* yang terlihat pada Gambar 4.3 terprogram hanya $\geq 50\%$. Nilai *bootstrap* tersebut masuk dalam kategori nilai *bootstrap* yang sangat lemah karena kurang dari 50%.

Hasil pohon filogenetik memperlihatkan bahwa terdapat spesies dari genus *Sterculia* (*S. lanceolata*) yang masih belum berada dalam satu klad. Hal tersebut terjadi karena beberapa sekuen dari *S. lanceolata* masih bervariasi. Ditinjau dari *Malvaceae* yang masih terdapat permasalahan di dalam

taksonnya, hubungan filogenetik di dalam *Malvaceae* masih terdapat kontroversial dan terkadang menunjukkan klad polifiletik (Wang *et al.*, 2021), seperti yang tersaji pada Gambar 4.5. Polifiletik menunjukkan suatu organisme yang tidak berbagi nenek moyang secara langsung, namun dikelompokkan bersama dalam suatu klad (Reece *et al.*, 2014). Permasalahan di dalam *Malvaceae* mendasari besarnya famili ini, yaitu terdapat 9 subfamili (*Malvoideae*, *Byttnerioideae*, *Grewioideae*, *Bombacoideae*, *Brownlowioideae*, *Dombeyoideae*, *Helicteroideae*, *Sterculioideae*, dan *Tilioideae*), 243 genus, dan lebih dari 4225 spesies (Stevens, 2019).



Gambar 4.5 Klad Polifiletik *Sterculiaceae* pada pohon filogenetik *Malvaceae*. Garis bawah berwarna merah menunjukkan *Sterculiaceae* yang berada dalam klad polifiletik (Bayer *et al.*, 1999)

Berdasarkan analisis sekuen *psbA-trnH* hasil proses contig dari kromatogram hasil sekuensing, terbukti bahwa sekuen tersebut memiliki karakteristik dengan panjang sekuen 350 bp serta sersentase komposisi sekuen yang terdiri atas 39,7% nukleotida T; 13,7% nukleotida C; 30,6% nukleotida A; dan 16,0% nukleotida G. Hal tersebut sesuai rata-rata panjang sekuen *psbA-trnH* yaitu ± 327 bp dan sesuai dengan komposisi sekuen *psbA-trnH* yang banyak mengandung nukleotida T dan A yang tinggi. Jadi sekuen tersebut memenuhi karakteristik sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*S. oblongata*).

Berdasarkan analisis *in-silico* (metode simulasi komputer) yang telah dilakukan, sekuen *psbA-trnH* dari sampel *S. oblongata* koleksi tipe Kebun Raya Bogor yang digunakan dalam DNA *barcoding* pada penelitian ini terbukti dapat digunakan sebagai identitas baku untuk mengenali *S. oblongata*. Oleh karena itu, penelitian ini menunjukkan bahwa sekuen *psbA-trnH* memiliki peran dan memenuhi kriteria kegiatan identifikasi jenis berbasis molekuler sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*S. oblongata*) di Indonesia.

C. Keterbatasan Penelitian

Penelitian ini dapat menjadi bahan pertimbangan bagi penelitian selanjutnya agar didapatkan hasil penelitian yang lebih baik karena memiliki beberapa keterbatasan, antara lain:

1. Sampel yang baik digunakan dalam kegiatan isolasi DNA umumnya adalah organ daun, tetapi pada penelitian ini digunakan kulit kayu karena perawakan pohon yang cukup tinggi, yaitu mencapai ± 18 m, sehingga sulit dijangkau dan tidak memungkinkan untuk mengambil daunnya. Pada penelitian ini diperoleh bahwa kulit kayu juga dapat digunakan sebagai material alternatif untuk isolasi DNA dengan ketentuan bahwa sampel yang diambil dalam jumlah terbatas agar tidak merusak pohon sampel karena koleksi tipe *S. oblongata* di Kebun Raya Bogor hanya berjumlah satu pohon.
2. Sekuen yang digunakan pada penelitian ini hanya berasal dari satu *region* untuk menyediakan data sekuen *psbA-trnH*, sehingga hasil penelitian belum mampu mengelompokkan dalam satu klad beberapa spesies dalam genus *Sterculia*.
3. Analisis data pada penelitian ini menghabiskan waktu yang lama dikarenakan *bootstrap* yang digunakan pada metode statistik *Maximum Parsimony* masih tergolong *bootstrap* standar dan komputer yang digunakan juga memiliki spesifikasi terbatas.

BAB V

SIMPULAN DAN SARAN

A. Simpulan

Berdasarkan penelitian dan analisis hasil penelitian yang telah dilakukan, simpulan pada penelitian ini yaitu:

1. Sekuen DNA pada sekuen *psbA-trnH* dari Hantap (*S. oblongata*) memiliki karakteristik dengan panjang sekuen 350 bp, tidak jauh dari rata-rata panjang sekuen *psbA-trnH* yaitu ± 327 bp. Sekuen tersebut juga memiliki persentase komposisi sekuen yang sesuai dengan komposisi sekuen *psbA-trnH* (banyak mengandung nukleotida T dan A yang tinggi), yaitu terdiri atas 39,7% nukleotida T; 13,7% nukleotida C; 30,6% nukleotida A; dan 16,0% nukleotida G.
2. Peran sekuen *psbA-trnH* dalam kegiatan identifikasi sebagai upaya konservasi genetik Hantap (*S. oblongata*) di Indonesia dapat menjadi sekuen referensi dalam identifikasi molekuler DNA *barcoding* sehingga dapat digunakan sebagai identitas baku untuk mengenali *S. oblongata* yang ada di Indonesia.

B. Saran

Berdasarkan keterbatasan yang ada pada penelitian ini, saran yang dapat diberikan peneliti untuk penelitian selanjutnya, antara lain:

1. Pengambilan sampel daun dari pohon yang lebih rendah dapat dilakukan agar peneliti dapat lebih mudah menjangkaunya, sehingga sampel penelitian yang didapatkan lebih banyak dan pengambilan sampel tidak merusak pohon.
2. Penelitian lanjut mengenai konservasi genetik Hantap (*S. oblongata*) menggunakan DNA *barcoding* perlu dilakukan dengan mengkombinasikan beberapa *region*, seperti *psbA-trnH* dengan ITS agar hasil penelitian selanjutnya mampu mengelompokkan beberapa spesies dalam genus *Sterculia* dengan lebih baik, yaitu berada dalam satu klad.
3. Penggunaan MPboot (pengembangan *bootstrap* pada metode statistik *Maximum Parsimony*) dan penggunaan metode statistik UPGMA dapat dilakukan hanya bertujuan untuk sekedar identifikasi jenis, serta penggunaan komputer spesifikasi yang lebih baik (minimal dengan *processor* AMD A8-7670K dan RAM 4 GB) perlu diterapkan, agar waktu analisis data pada penelitian selanjutnya dapat lebih efisien.

DAFTAR PUSTAKA

- Al-Mahalli, J. M. & J. M. As-Suyuthi. 2007. *Tafsir al-Jalalyn*. Surabaya: Alharamain Jaya Indonesia.
- Alzohairy, A. M. 2008. ClustalW: Widespread Multiple Sequences Alignment Program. *Journal of Cell and Molecular Biology*. 7 (1): 81-82.
- Amstrong, K. A., G. N. Stone, J. A. Nicholls, E. Valdeerrama, A. A. Anderberg, J. Smedmark, L. Gautier, Y. Naciri, R. Milne, & J. E. Richardson. 2014. Patterns of Diversification Amongst Tropical Regions Compared: A Case Study in Sapotaceae. *Frontiers in GENETICS*. 5: 1-13.
- Aprilyanto, V. & L. Sembiring. 2016. *Filogenetika Molekuler: Teori dan Aplikasi*. Yogyakarta: Innosain.
- Arham, W. 2015. *Identifikasi Bakteri Symbion-Nematoda Entomopatogen Isolat Lokal Asal Bromo Jawa Timur Berdasarkan Sekuen DNA Pengkode 16S rRNA*. Skripsi. Jember: Universitas Jember.
- Asapuri, G. 2015. *Optimasi Proses Ekstraksi Daun Hantap (Sterculia oblongata R. Brown) untuk Pembuatan Permen Jeli*. Skripsi. Bandung: Universitas Padjadjaran.
- As-Showi, A. 2011. *Hasyiyah as-Showi 'ala al-Jalalyn*. Beirut: Dar al-Kutub al-Ilmiyah.
- Audiana, A., D. Aatiani, & W. Ekyastuti. 2020. Keanekaragaman Jenis Paku-Pakuan (Pteridophyta) di Lahan Gambut Terbuka di Desa Sarang Burung Kolam Kecamatan Jawai Kabupaten Sambas. *Jurnal Hutan Lestari*. 8 (2): 239-248.
- Bangol, I., L. I. Momuat, & M. Kumaunang. 2014. Barcode DNA Tumbuhan Pangi (*Pangium edule* R.) Berdasarkan Gen *matK*. *Jurnal MIPA UNSRAT Online*. 3 (2): 113-119.

- Basuki, K., A. Mursyid, A. Kurnain, & Suyanto. 2013. Analisis Faktor Penyebab dan Strategi Pencegahan Pembalakan Liar (*Illegal Logging*) di Kabupaten Tabalong. *EnviroScienteeae*. 9: 27-43.
- Bayer, C., M. F. Fay, A. Y. D. Bruijn, V. Savolainen, C. M. Morton, K. Kubitzki, W. A. Alverson, & M. W. Chase. 1999. Support for An Expanded Family Concept of Malvaceae within A Recircumscribed Order Malvales: A Combined Analysis of Plastid *atpB* and *rbcl* DNA Sequences. *Botanical Journal of the Linnean Society*. 129: 267-303.
- Benson, D. A., I. Karsch-Mizrachi, D. J. Lipman, J. Ostell & D. L. Wheeler. 2007. *Nucleic Acid Research*. 36:25-30.
- Brown, W. H. 1919. *Philippine Fiber Plants*. Manila: Bureau of Printing.
- Catalog of Life. 2021. The Most Complete Authoritative List of The World's Species – Maintained by Hundreds of Global Taxonomists. www.catalogueoflife.org. Diakses pada tanggal 18 Oktober 2021 pukul 16.45 WIB.
- Chen, S., H. Yao, J. Han, C. Liu, J. Song, L. Shi, Y. Zhu, X. Ma, T. Gao, X. Pang, K. Luo, Y. Li, X. Li, X. Jia, Y. Lin, & C. Leon. 2010. Validation of The ITS2 Region as A Novel DNA Barcode for Identifying Medicinal Plant Species. *PLoS ONE*. 5 (1): e8613.
- Cheynier, V. 2012. Phenolic Compound: from Plant to Foods. *Phytochem Rev*. 11 (2-3): 153-177.
- Costion, C., A. Ford, H. Cross, D. Crayn, M. Harrington, & A. Lowe. 2011. Plant DNA Barcodes Can Accurately Estimate Species Richness in Poorly Known Floras. *PLoS ONE*. 6 (11): e26841.

- Damanis, J., L. I. Momuat, M. S. Sangi, & M. Kumaunang. 2015. Isolasi dan Karakterisasi Barcode DNA Tanaman Nusa Indah Putri (*Mussaenda frondosa*) Berdasarkan Gen matK. *Jurnal MIPA UNSRAT Online*. 4 (2): 111-114.
- Degtjareva, G. V., M. D. Logacheva, T. H. Samigullin, E. I. Terentieva, & C. M. Valiejo-Roman. 2012. Organization of Chloroplast *psbA-trnH* Intergenic Spacer in Dicotyledonous Angiosperms of Family Umbelliferae. *Biochemistry (Moscow)*. 77 (9): 1273-1283.
- Duan, H., W. Wang, Y. Zeng, M. Guo, & Y. Zhou. 2019. The Screening and Identification of DNA Barcode Sequences for *Rehmannia*. *Scientific Reports*. 9: 17295.
- Dzialo, M., J. Mierziak, U. Korzun, M. Preisner, J. Szopa & A. Kulma. 2016. The Potential of Plant Phenolics in Prevention and Therapy of Skin Disorders. *Int. J. Mol. Sci*. 17 (160): 1-41.
- Ella, A. B. 1987. Sustained-yield Treatment of Malabuho (*Sterculia oblongata* R. Br.). *NSTA Technology Journal*. 11 (2): 62-71.
- El-Sherei, M. M., A. Y. Ragheb, M. E. S. Kassem, M. M. Marzouk, S. A. Mosharafa, & N. A. M. Saleh. 2016. Phytochemistry, Biological Activities and Economical Uses of the Genus *Sterculia* and the Related Genera: a Review. *Asian Pac J trop Dis*. 6 (6): 492-501.
- Fahmi, M. R. 2015. Konservasi Genetik Ikan Sidat Tropis (*Anguilla* spp) di Perairan Indonesia. *J. Lit. Perikanan. Ind*. 21 (1): 45-54.
- Fahriz, M., Y. Farida, & L. P. Sri. 2018. Evaluasi Anatomi dan Sitologi Tanaman Jeruk Colchiploid Siam Pontianak. *Jurnal Produksi Tanaman*. 6 (12): 3125-3132.

- Felsenstein, J. 1985. Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using The Bootstrap. *Evolution*. 3: 783-791.
- Frankham, R., J. D. Ballau, & D. A. Briscoes. 2002. *Introduction to Conservation Genetic*. Cambridge: Cambridge University Press.
- GBIF. 2021. *Taksonomi Backbone. Sterculia oblongata R. Br.* <https://doi.org/10.15468/39omei>. Diakses pada tanggal 16 Desember 2021 pukul 16.45 WIB.
- Gonzales, M. A., C. Baraloto, J. Engel, S. A. Mori, P. Petronelli, B. Riera, A. Roger, C. Thebaud, & J. Chave. 2009. Identification of Amazonian trees with DNA Barcodes. *PloS ONE*. 4 (10): e7483.
- Hall, T. A. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp Ser*. 41: 95-98.
- Hanum, F. & L. J. G. V. Maesen. 1997. *PROSEA, Plant Resources of South-East Asia 11*. Bogor: Yayasan Prosea.
- Hedges, S. B. 1992. The Number of Replications Needed for Accurate Estimation of The Bootstrap P Value in Phylogenetic Studies. *Molecular Biology Evolutions*. 9 (2): 366-369.
- Hendarini, A. T. 2011. *Persepsi Masyarakat terhadap Manfaat Kesehatan dan Pengembangan Produk Minuman Fungsional dari Ekstrak Daun Hantap (Sterculia oblongata R. Brown)*. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Herlina, N., A. Nurlaila, Y. Hendrayana, I. Karyaningsih, & A. Aleandra. 2019. *Pemanfaatan Tumbuhan Obat Oleh Masyarakat Sekitar Taman Nasional Gunung Ciremai Desa Karang Sari Kecamatan Darma Kabupaten Kuningan*. Prosiding Seminar Nasional dan *Call for Papers* Konservasi

untuk Kesejahteraan Masyarakat I. Kuningan 12 Desember 2019.

Hikmah, B. 2018. *Manfaat Tumbuhan Bagi Manusia (Studi Sains atas Surah 'Abasa 24-32)*. Skripsi. Surabaya: UIN Sunan Ampel.

Hoang, D. T., L. S. Vinh, T. Flouri, A. Stamatakis, A. V. Haeseler, & B. Q. Minh. 2018. MPBoot: Fast Phylogenetic Maximum Parsimony Tree Inference and Bootstrap Approximation. *BMC Evolutionary Biology*. 18: 1-11.

Hordijk, W. & O. Gascuel. 2005. Improving The Efficiency of SPR Moves in Phylogenetic Tree Search Based on Maximum Likelihood. *Bioinformatics*. 21 (24): 4338-4347.

Hoveka, L. N., M. V. D. Bank, J. S. Boatwright, B. S. Bezeng, & K. Yessoufou. 2015. The Noncoding trnH-psbA Spacer, As an Effective DNA Barcode for Aquatic Freshwater Plants, Reveals Prohibited Invasive Species in Aquarium Trade in South Africa. *South Africa Journal of Botany*. 102: 208-216.

Huang, X. C., X. Q. Ci, J. G. Conran, & J. Li. 2015. Application of DNA Barcodes in Asian Tropical Trees – A Case Study from Xishuangbanna Nature Reserve, Southwest China. *PloS ONE*. 10 (6): e129295.

IAPT. 2012. *International Association for Plant Taxonomy. Status, Typification, and Priority of Names*. <https://www.iapt-taxon.org/melbourne/main.php?page=art7>. Diakses pada tanggal 20 September 2021 pukul 08.10 WIB.

International Barcode Of Life. 2021. DNA Barcoding, A Tool for Specimen Identification and Species Discovery. www.ibol.org. Diakses pada tanggal 17 Oktober 2021 pukul 16.35 WIB.

- Iqbal, M., I. D. Buwono, & N. Kurniawati. 2016. Analisis Perbandingan Metode Isolasi DNA Untuk Mendeteksi *White Spot Syndrome Virus* (WSSV) Pada Udang Vaname (*Litopenaerus vannamei*). *Jurnal Perikanan Kelautan*. 7 (1): 54-65.
- Isda, N. & M. N. Sofiyanti. 2019. Paku Kawat *Lycopodiella cernua* (L.) Pic. Serm. (Lycopodiaceae-Lycopodiales) dari Provinsi Riau – Kajian Morfologi dan Sekuen DNA berdasarkan Primer *RBCL*. *Jurnal Biologi Universitas Andalas*. 7 (1): 43-50.
- IUCN. 2021. The IUCN Red List of Threatened Species. <https://www.iucnredlist.org>. Diakses pada tanggal 12 Oktober 2021 pukul 00.40 WIB.
- Izza, F. R., R. Amin, & K. P. Krispinus. 2018. Pengembangan Kunci Determinasi Tumbuhan Hasil Eksplorasi Hutan Wisata Guci Kabupaten Tegal Untuk Sekolah Menengah Atas. *Indonesia Journal of Conservation*. 7 (2): 119-130.
- KEW. 2021. Herbarium Catalogue. <http://specimens.kew.org/herbarium/K000671747>. Diakses pada tanggal 10 Oktober 2021 pukul 15.10 WIB.
- Kress, W. J. & D. L. Erickson. 2007. A Two-Locus Global DNA Barcode for Land Plants: The Coding *rbcl* Gene Complements the Non-Coding *trnH-psbA* Spacer Region. *Plos ONE*. 2 (6): 1-10.
- Kress, W. J., D. L. Erickson, F. A. Jones, N. G. Swenson, R. Perez, O. Sanjur, & E. Bermingham. 2009. Plant DNA Barcodes and A Community Phylogeny of A Tropical Forest Dynamics Plot in Panama. *PNAS*. 106 (44): 18621-18626.
- Krisdianto. 2006. Anatomi dan Kualitas Serat Lima Jenis Kayu Kurang Dikenal dari Lengkonng, Sukabumi. *Jurnal Penelitian Hasil Hutan*. 24 (3): 201-218.

- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz, & K. Tamura. 2018. Mega X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol. Bio. Evol.* 35 (6): 1547-1549.
- Kurniasih, M. D. 2018. Menumbuhkan Karakter Konservasi Biodiversitas Melalui Penerapan *Species Identification and Response Software*. *EduSains: Jurnal Pendidikan Sains & Matematika*. 6 (2): 30-41.
- Kuruwanshi, V. B., P. Katiyar, & S. Khan. 2017. Scientific Approaches of Gum Tapping in Gum Karaya (*Sterculia urens* Roxb.) for High Gum Production. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* 6 (8): 3366-3374.
- Lestari, D. A., A. Rodyati, & Hendrian. 2018. Filogenetik Jenis-Jenis Annonaceae dari Jawa Timur Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan *Coding* dan *Non-coding* Sekuen DNA. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*. 3: 1-7.
- Lestari, D. A., R. Azrianingsih, & Hendrian. 2018. Filogenetik Jenis-Jenis Annonaceae dari Jawa Timur Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan *Coding* dan *Non-coding* sekuen DNA. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*. 3: 1-7.
- Liu, J., H. F. Yan, S. G. Newmaster, N. Pei, S. Ragupathy, & X. J. Ge. 2015. The Use of DNA Barcoding As A Tool for The Conservation Biogeography of Subtropical Forest in China. *Divers. Distrib.* 21 (2): 188-199.
- Loera-Sanchez, M., B. Studer & R. Kolliker. 2020. DNA Barcode trnH-psbA Is a Promising Candidate for Efficient Identification of Forage Legumes and Grasses. *BMC Research Notes*. 13 (35): 1-6.
- Lubis, L., & Rasyidah. 2012. Pengelolaan Kebun Raya dan Kontribusi Pemerintah Terhadap Konservasi Tumbuhan

- di Kebun Raya Bogor. *Jurnal Green Growth dan Manajemen Lingkungan*. 1 (1): 37-48.
- Marsono, Y. 2008. Prospek Pengembangan Makanan Fungsional. *J Teknologi Pangan Gizi*. 7 (1): 46-50.
- Murningsih, T., Praptiwi, Liana & A. Fathoni. 2019. TLC Profiling and Antioxidant Activity of Phenolic Compound from *Sterculia oblongata* Bark Extract. *Nusantara Bioscience*. 11 (1): 44-48.
- Nei, M. 1989. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Njurumana, G. N. 2011. Ekologi dan Pemanfaatan Nitas (*Sterculia foetida* L.) di Kabupaten Timor Tengah Selatan, Nusa Tenggara Timur. *Jurnal Penelitian Hutan dan Konservasi Alam*. 8 (1): 35-44.
- Pamungkas, A., A. Sulaeman, & K. Roosita. 2014. Pengembangan Produk minuman Jeli Ekstrak Daun Hantap (*Sterculia oblongata* R. Brown) sebagai Alternatif Pangan Fungsional. *Jurnal Gizi Pangan*. 9 (3): 195-202.
- Phoolcharoen, W., & S. Sukrong. 2012. Molecular Analysis of *Vitex* Species Using Candidate DNA Barcoding and PCR-RFLP of *matK* Gene for Authentication of *Vitex glabrata*. *Natural product Communications*. 8 (1): 125-128.
- POWO. 2019. *Plants of the World Online. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew.* <http://www.plantsoftheworldonline.org>. Diakses pada tanggal 20 September 2021 pukul 07.50 WIB.
- Purnomo, D. W., M. Maghandhi, & F. Kuswantoro. 2015. Pengembangan Koleksi Tumbuhan Kebun Raya Daerah Dalam Rangka Strategi Konservasi Tumbuhan di Indonesia. *Buletin Kebun Raya*. 18 (2): 111-124.

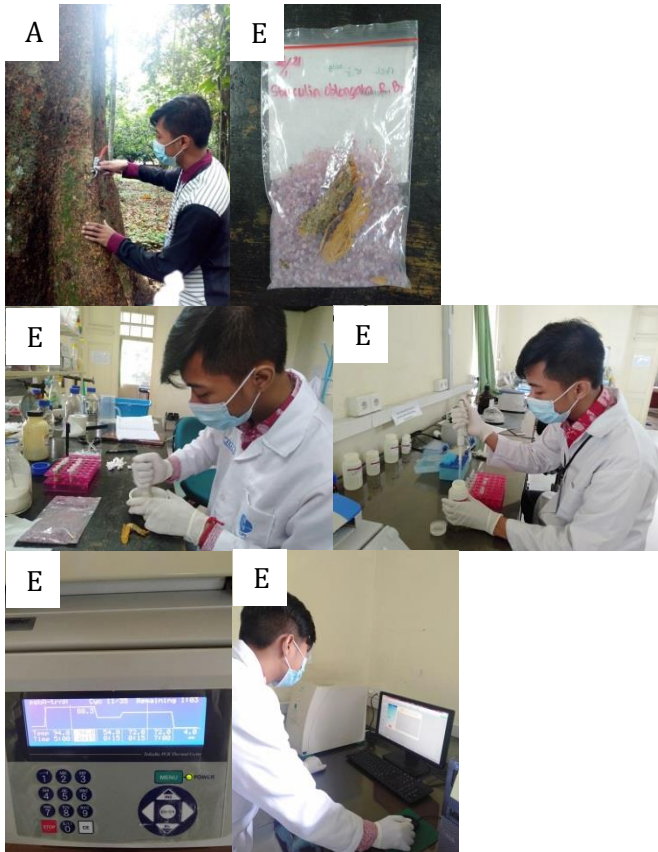
- Rahayu, D. A. & E. D. Nugroho. 2015. *Biologi Molekuler dalam Perspektif Konservasi*. Yogyakarta: Plantaxia.
- Rahayu, D. A. & M. Jannah. 2019. *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Jakarta: Yayasan Inspirasi Ide Berdaya.
- Rangkuti, A. B., A. Susilowati. U. J. Siregar, L. Irmayanti, & I. Z. Siregar. 2021. DNA Barcoding of Rattan (Arecaceae) from Gunung Walat Education Forest, Sukabumi-West Java. *Journal of Sylva Indonesia*. 4 (1): 45-53.
- Reece, J. B., L. A. Urry, M. L. Cain, S. A. Wasserman, P. V. Minorsky, & R. B. Jackson. 2014. *Campbell. Biology*, Tenth Edition. Berkeley: Pearson.
- Rosahdi, T. D., M. Kusmiyati & F. R. Wijayanti. 2013. Uji Aktivitas Daya Antioksidan Buah Rambutan Rapih Dengan Metode DPPH. *Jurnal ISTEK*. 7 (1): 1-14.
- Seprianto. 2017. *Modul Mata Kuliah Pengantar Bioinformatika*. DKI Jakarta: Universitas Esa Unggul.
- Siswadi & G. S. Saragih. 2017. *Kandungan Flavonoid Total Kulit Batang Beberapa Famili Sterculiaceae; Faloak (Sterculia quadrifida R. Br.), Pterigota (Pterigota alata (Roxb.) R. Br.) dan Nitas (Sterculia foetida L.)*. Prosiding Seminar Nasional POKJANAS TOI. Riau 4 April 2017.
- Siswadi, H. Rinawati, A. Umroni, M. Hidayatullah, & G. S. Saragih. 2020. Karakteristik Pertumbuhan Tanaman Faloak (*Sterculia quadrifida* R. Br.) Asal Populasi Pulau Rote. *Jurnal Faloak*. 4 (2): 81-94.
- Soemarmi, A., E. Indarti, Pujiyono, & A. Diamantina. 2019. Konsep Negara Kepulauan dalam Upaya Perlindungan Wilayah Pengelolaan Perikanan Indonesia. *Masalah-Masalah Hukum*. 48 (3): 241-248.

- Stevens, P. F. 2019. *Angiosperm Phylogeny Website*.
<http://www.mobot.org/MOBOT/reseach/APweb/>.
Diakses pada tanggal 21 Desember 2021 pukul 12.00 WIB.
- Subagiyo, L., Herliani, Sudarman, & Z. Haryanto. 2019. *Literasi Hutan Tropis Lembab & Lingkungannya*. Samarinda: Mulawarman University Press.
- Sudarmanto, I. & T. Suhartati. 2015. Aktivitas Antioksidan Senyawa Flavonoid Pada Kulit Akar Tanaman Ara. *Jurnal Kesehatan*. 6 (2): 137-141.
- Sudrajat, D., Nasrullah, & M. Woerjono. 2002. Kemajuan Genetik Seleksi Saudara Tiri (*Half-Sib*), S_2 dan Gabungannya pada Populasi S_1 . *AGROSAINS*. 15 (3): 315-324.
- Suwardi, A. B., E. Mukhtar, & Syamsuardi. 2013. Komposisi Jenis dan Cadangan Karbon di Hutan Tropis Dataran Rendah, Ulu Gadut, Sumatera Barat. *Berita Biologi*. 12 (2): 169-176.
- Suwila, M. T. 2015. Identifikasi Tumbuhan Epifit Berdasarkan Ciri Morfologi dan Anatomi Batang di Hutan Perhutani SUB BPKH Kedunggalar, Sonde dan Natah. *Jurnal Florea*. 2 (1): 47-50.
- Syafaruddin, E. Randriani, & T. J. Santoso. 2011. Efektivitas dan Efisiensi Teknik Isolasi dan Purifikasi DNA pada Jambu Mete. *Buletin RISTR*. 2 (2): 151-160.
- Syakir, A. M & M. M. Syakir. 2007. *Terjemah Tafsir Ath-Thabari*. Jakarta: Pustaka Azzam.
- Tripathi, A. M., A. Tyagi, A. Kumar, A. Singh, S. Singh, L. B. Chaudhary, & S. Roy. 2013. The Internal Transcribed Spacer (ITS) Region and trnH-psbA Are Suitable Candidate

- Loci for DNA Barcoding of Tropical Tree Species of India. *PloS ONE*. 8 (2): e57934.
- Wahyuni, T. 2011. *Ekspresi Gen CSF3SYN Dengan Promotor Konstitutif P_{GAP} Pada Pichia pastoris*. Skripsi. Depok: Universitas Indonesia.
- Wang, J. H., M. J. Moore, H. Wang, Z. X. Zhu, & H. F. Wang. Plastome Evolution and Phylogenetic Relationship among *Malvaceae* Subfamilies. *Gene*. 765: 145103.
- Widyatmoko, A. Y. P. B. C. 2020. *Aplikasi Genetika Molekuler untuk Konservasi Genetik Tumbuhan Hutan Tropis Terancam Punah*. Jakarta: Kementerian Lingkungan Hidup dan Kehutanan.
- Wilkie, P., A. Clark, R. T. Pennington, M. Cheek, C. Bayer, & C. C. Wilcock. 2006. Phylogenetic Relationships within the Subfamily Sterculioidae (Malvaceae/Sterculiaceae-Sterculieae) Using the Chloroplast Gene *ndhF*. *Systematic Botany*. 31 (1): 160-170.
- Wulandari, D. Y., M. S. Sari, S. Mahanal. 2017. Identifikasi Tumbuhan Suku Poaceae Sebagai Suplemen Matakuliah Keanekaragaman Tumbuhan. *Jurnal Pendidikan*. 2 (1): 97-104.
- Xiong, J. 2006. *Essential Bioinformatics*. New York: Cambridge University Press.
- Yuwono, T. 2005. *Biologi Molekular*. Jakarta: Penerbit Erlangga.
- Zein, M. S. A. 2018. Barkoding DNA Burung Elang (Famili Accipitridae) di Indonesia. *Berita Biologi*. 17 (2): 1655-173.

LAMPIRAN

Lampiran 1 Dokumentasi Penelitian



Keterangan: A) Pengambilan sampel, B) Sampel kulit kayu *S. oblongata*, C) Penggerusan sampel, D) Proses isolasi DNA, E) Proses PCR, dan F) Elektroforesis dan visualisasi hasil elektroforesis

Lampiran 2 Kromatogram hasil sekuensing produk PCR dari sampel *S. oblongata* sekuen *psbA-trnH*



Lampiran 3 Sekuen *S. oblongata* hasil sekuensing

>1st_BASE_4130076_A_psbA-trnH_F

AATTCTNAGACTAGCTGTTATTGAAGTTCCATCTACAAATGGAT
 AAGACTTTGGTTTTAGTGTATACAAGTTTTTGAAAATAAAGGAG
 TAATAACCAATTTCTTGTTCTATCAAGAGTGTGGTATTGCTCC
 TTTATCCTTTATTTAGATTTAGTAGTCTTTCTTTTCTTTACATA
 AATTTGTTTTTTCGTTATTTGTTTTTCTTTACTTTAACGTTAC
 CCCTTTGAAATTCGTATTCATATTTGAAATATTTAAACAAATAA
 AAAGAAAATACTAAAACATAAATAGTATAGTAGAGGGCGGATG
 TAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCACCATGCGC
 GAATT

>1st_BASE_4130077_A_psbA-trnH_R

GAACCTTGGCTACTCCGCCCTCTACTATACTATTTTAGTTTTA
 GTATTTTCTTTTTATTTGTTTAAATATTTCAAATATGAATACGA
 ATTTCAAAGGGGTAACGTTAAAGTAAAGAAAAACAAATAACGA
 AAAAACAAATTTATGTAAAGAAAAGAAAGACTACTAAATCTAAA
 TAAAGGATAAAGGAGCAATACCAACACTCTTGATAGAACAAGAA
 ATTGGTTATTACTCCTTTATTTTCAAAAACCTTGATACACTAAA
 ACCAAAGTCTTATCCATTTGTAGATGGAACCTCAATAACAGCTA
 GGTCTAGAGGGAAGTTATGAGCATTACGTTTCATGCATAACAGGC

Lampiran 4 Sekuen *S. oblongata* hasil contig

>4130076/77_Sterculia_oblongata

ATGCTCATAACTTCCCTCTAGACCTAGCTGTTATTGAAGTTCCA
TCTACAAATGGATAAGACTTTGGTTTTAGTGTATACAAGTTTTT
GAAAATAAAGGAGTAATAACCAATTTCTTGTTCTATCAAGAGTG
TTGGTATTGCTCCTTTATCCTTTATTTAGATTTAGTAGTCTTTC
TTTTCTTTACATAAAATTTGTTTTTTTCGTTATTTGTTTTTTCTTT
ACTTTAACGTTACCCCTTTGAAATTCGATTTCATATTTGAAATA
TTTAAACAAATAAAAAGAAAATACTAAAATAAAAATAGTATAGT
AGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGT

Lampiran 5 Tabel hasil BLASTn di NCBI

No.	Nama Ilmiah	Jumlah (sekuen)
1.	<i>Sterculia monosperma</i>	2
2.	<i>Sterculia nobilis</i>	2
3.	<i>Sterculia apetala</i>	2
4.	<i>Sterculia lanceolata</i>	6
5.	<i>Sterculia foetida</i>	1
6.	<i>Sterculia speciosa</i>	1
7.	<i>Sterculia pruriens</i>	2
8.	<i>Sterculia lisae</i>	2
9.	<i>Sterculia frondosa</i>	2
10.	<i>Cola acuminata</i>	3
11.	<i>Cola verticilata</i>	1
12.	<i>Argyrodendron actinophyllum</i>	1
13.	<i>Heritiera littoralis</i>	18
14.	<i>Cola rostrata</i>	2
15.	<i>Heritiera parvifolia</i>	2
16.	<i>Heritiera angustata</i>	2
17.	<i>Agryrodendron trifoliolatum</i>	1
18.	<i>Heritiera fomes</i>	2
19.	<i>Firmiana colorata</i>	2
20.	<i>Firmiana simplex</i>	4
21.	<i>Firmiana major</i>	2
22.	<i>Firmiana pulcherrima</i>	1
23.	<i>Brachychiton discolor</i>	2
24.	<i>Brachychiton australis</i>	1
25.	<i>Brachychiton bidwilli</i>	1
26.	<i>Firmiana kwangsiensis</i>	2
27.	<i>Firmiana danxiaensis</i>	2
28.	<i>Cola cauliflora</i>	3
29.	<i>Cola praeacuta</i>	2
30.	<i>Cola sp.</i>	1
31.	<i>Cola suboppositifolia</i>	1
32.	<i>Brachychiton rupestris</i>	1
33.	<i>Brachychiton populneus</i>	1
34.	<i>Cola lateritia</i>	1
35.	<i>Sterculia lanceifolia</i>	1

No.	Nama Ilmiah	Jumlah (sekuen)
36.	<i>Sterculia sp.</i>	1
37.	<i>Sterculia multiovula</i>	1
38.	<i>Sterculia brevissima</i>	1
39.	<i>Heritiera javanica</i>	1
40.	<i>Cola digitata</i>	2
41.	<i>Lumnitzera racemosa</i>	1
42.	<i>Rhizophora mucronata</i>	4
43.	<i>Ceriops decandra</i>	4
44.	<i>Bruguiera sexangula</i>	1
45.	<i>Bruguiera parviflora</i>	2
46.	<i>Ceriops tagal</i>	2
	Jumlah	100

Lampiran 6 Tabel daftar sekuen dari genus *Sterculia* hasil BLASTn yang digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik

No.	Nama Ilmiah	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
1.	<i>Sterculia monosperma</i>	584	584	100%	2e-162	97,14%	161098	MN533974.1
2.	<i>Sterculia nobilis</i>	579	579	100%	9e-161	96,86%	160178	MZ958831.1
3.	<i>Sterculia nobilis</i>	579	579	100%	9e-161	96,86%	160177	MK591000.1
4.	<i>Sterculia monosperma</i>	579	579	100%	9e-161	96,86%	160178	NC_053571.1
5.	<i>Sterculia apetala</i>	523	523	96%	4e-144	94,49%	344	HG963798.1
6.	<i>Sterculia lanceolata</i>	521	770	100%	1e-143	97,39%	161118	NC_054170.1
7.	<i>Sterculia lanceolata</i>	512	512	83%	9e-141	98,29%	300	HQ415485.1
8.	<i>Sterculia foetida</i>	492	492	87%	1e-134	95,77%	311	JX856944.1
9.	<i>Sterculia speciosa</i>	484	484	100%	2e-132	92,31%	347	GQ428657.1
10.	<i>Sterculia pruriens</i>	479	479	100%	9e-131	92,02%	341	FJ038991.2
11.	<i>Sterculia sp. lisae</i>	479	479	100%	9e-131	92,02%	357	GQ428656.1
12.	<i>Sterculia sp. lisae</i>	479	479	100%	9e-131	92,02%	358	GQ428655.1
13.	<i>Sterculia frondosa</i>	479	479	100%	9e-131	92,02%	358	GQ428654.1
14.	<i>Sterculia frondosa</i>	479	479	100%	9e-131	92,02%	360	GQ428653.1
15.	<i>Sterculia lanceolata</i>	459	459	74%	1e-124	98,47%	265	KP095703.1
16.	<i>Sterculia lanceolata</i>	446	446	76%	9e-121	97,03%	262	KR533978.1
17.	<i>Sterculia apetala</i>	444	444	82%	3e-120	94.26%	295	GQ982373.1

No.	Nama Ilmiah	Max Score	Total Score	Query Cover	E Value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
18.	<i>Sterculia lanceolata</i>	424	424	70%	4e-114	97.96%	244	KR533992.1
19.	<i>Sterculia lanceolata</i>	424	424	70%	4e-114	97.96%	245	KR533991.1
20.	<i>Sterculia lancefolia</i>	424	424	73%	4e-114	96.89%	250	KR533979.1
21.	<i>Sterculia multiovula</i>	420	420	90%	6e-113	91.43%	301	FJ038990.2
22.	<i>Sterculia brevissima</i>	418	418	73%	2e-112	96.50%	250	KR533984.1
23.	<i>Sterculia pruriens</i>	387	387	84%	6e-103	91.16%	282	FJ038993.2

Lampiran 7 Hasil alignment sekuen sampel dan 23 sekuen *Sterculia* hasil BLASTn di *genbank*

```

      .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
      10          20          30          40          50
MN533974.1 TCCACTGCCT TGATCCACTT GGCTACATCC GCCCCTCTAC TATACTATTT
MZ958831.1 TCCACTGCCT TGATCCACTT GGCTACATCC GCCCCTCTAC TATACTATTT
MK591000.1 TCCACTGCCT TGATCCACTT GGCTACATCC GCCCCTCTAC TATACTATTT
NC_053571. TCCACTGCCT TGATCCACTT GGCTACATCC GCCCCTCTAC TATACTATTT
NC_054170. -----
HQ415485.1 -----
JX856944.1 -----
HG963798.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
GQ428657.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
FJ038991.2 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
GQ428656.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
GQ428655.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
GQ428654.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
GQ428653.1 ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
KP095703.1 -----ATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
KR533978.1 -----
GQ982373.1 -----A
KR533992.1 -----
KR533991.1 -----

```

```

KR533979.1  -----
FJ038990.2  -----ACCTA GCTGCTATTG AAGCTCCATC TACAAATGGA
KR533984.1  -----
FJ038993.2  -----TCCATC TACAAATGGA
A4130076/7  ATAACTTCCC TCTAGACCTA GCTGTTATTG AAGTTCCATC TACAAATGGA

```

```

.....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....| .....|.....|
          60          70          80          90          100

```

```

MN533974.1  TAGTATTTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
MZ958831.1  TAGTATCTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
MK591000.1  TAGTATCTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
NC_053571.  TAGTATCTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
NC_054170.  TAGTATTTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
HQ415485.1  TAGTATCTTC TTTTTATTTG TTTAAATATT TCAAATATGA ATACGAATTT
JX856944.1  TAGTATTTTC TTTTTATTTG TTTAATTATT TCAAATACGA ATACGAATTT
HG963798.1  TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
GQ428657.1  TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
FJ038991.2  TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
GQ428656.1  TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
GQ428655.1  TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
GQ428654.1  TAAGACTTTG GCTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
GQ428653.1  TAAGACTTTG GCTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA

```

KP095703.1 TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 KR533978.1 ---GACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 GQ982373.1 TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 KR533992.1 ---GACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 KR533991.1 ---GACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 KR533979.1 ---GACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 FJ038990.2 TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 KR533984.1 ---GACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 FJ038993.2 TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACGAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA
 A4130076/7 TAAGACTTTG GTTTTAGTGT ATACAAGTTT TTGAAAATAA AGGAGTAATA

.....|.....||.....||.....||.....||.....|
 110 120 130 140 150

MN533974.1 CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 MZ958831.1 CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 MK591000.1 CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 NC_053571. CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 NC_054170. CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 HQ415485.1 CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAACGAA AAAACAAAGT
 JX856944.1 CAAAGGGTAA CGTTAAAGTA AAGAAAAAAC AAATAAAGAA AAAACAAACT
 HG963798.1 ACCAATTTCT TGTTCTATCA AGAGTGTTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 GQ428657.1 ACCAATTTCT TGTTCTATCA AGAGTGTTGG TATTACTCCT TTATCC--TT

FJ038991.2 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 GQ428656.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 GQ428655.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 GQ428654.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 GQ428653.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 KP095703.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 KR533978.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 GQ982373.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 KR533992.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 KR533991.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 KR533979.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 FJ038990.2 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 KR533984.1 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT
 FJ038993.2 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTACTCCT TTATCC--TT
 A4130076/7 ACCAATTTCT TGTTCATCA AGAGTGTGG TATTGCTCCT TTATCC--TT

.....|.....||.....||.....||.....||.....|
 160 170 180 190 200

MN533974.1 TATGTAAAGA AAAGAAAGAC TACTAAATCT AAATAAA--G GATAAAGGAG
 MZ958831.1 TATGTAAAGA AAAGAAAGAC TACTAAATCT AAATAAA--G GATAAAGGAG
 MK591000.1 TATGTAAAGA AAAGAAAGAC TACTAAATCT AAATAAA--G GATAAAGGAG
 NC_053571. TATGTAAAGA AAAGAAAGAC TACTAAATCT AAATAAA--G GATAAAGGAG

NC_054170.	TATGTAAAGA	AAAGAAAGAC	TACTAAATCT	AAATAAA--G	GATAAAGGAG
HQ415485.1	TATGTAAAGA	AAAGAAAGAC	TACTAAATCT	AAATAAA--G	GATAAAGGAG
JX856944.1	TATGTAAAGA	AAAGAAAGAC	TACTAAATCT	AAAAAAA--G	GATAAAGGAG
HG963798.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAAGTTT	GTTTTTTCTT
GQ428657.1	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACATA
FJ038991.2	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACAGA
GQ428656.1	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACAGA
GQ428655.1	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACAGA
GQ428654.1	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACATA
GQ428653.1	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACATA
KP095703.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
KR533978.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
GQ982373.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAAGTTT	GTTTTTTCTT
KR533992.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
KR533991.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
KR533979.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
FJ038990.2	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACATA
KR533984.1	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAACTTT	GTTTTTTCGT
FJ038993.2	TATTTAGAGT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACAT-----	-CTTTACAGA
A4130076/7	TATTTAGATT	TAGTAGTCTT	TCTTTTCTTT	ACATAAATTT	GTTTTTTCGT

	210	220	230	240	250
MN533974.1	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
MZ958831.1	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
MK591000.1	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
NC_053571.	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
NC_054170.	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
HQ415485.1	CAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
JX856944.1	TAATACCAAC	ACTCTTGATA	GAACAAGAAA	T--TGGTTAT	TACTCCTTTA
HG963798.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGT
GQ428657.1	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
FJ038991.2	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
GQ428656.1	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
GQ428655.1	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
GQ428654.1	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
GQ428653.1	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
KP095703.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
KR533978.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
GQ982373.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGT
KR533992.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
KR533991.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
KR533979.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
FJ038990.2	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG

KR533984.1	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCAT
FJ038993.2	AGTTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	C-TTTGAAAT	TCGTATTCGG
A4130076/7	TATTTGTTTT	TTCTTTACTT	TAACGTTACC	CCTTTGAAAT	TCGTATTCAT

		260	270	280	290
MN533974.1	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
MZ958831.1	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
MK591000.1	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
NC_053571.	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
NC_054170.	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
HQ415485.1	TTTTCAAAAA	CTTGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
JX856944.1	TTTTCAAAAA	CTCGTATACA	CTAAA----A	CCAAAGTCTT	ATCCATTTGT
HG963798.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAATTAAA	CAAATAAAAA	GAGAATACTA
GQ428657.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
FJ038991.2	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
GQ428656.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
GQ428655.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
GQ428654.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
GQ428653.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA
KP095703.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAGATACTA
KR533978.1	ATTTGAAATA	TTTAAACAAA	TAAAA-----	-----A	GAAAATACTA

GQ982373.1 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAATTAAA CAAATAAAAA GAGAATACTA
 KR533992.1 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA
 KR533991.1 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA
 KR533979.1 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA
 FJ038990.2 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA
 KR533984.1 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAGATACTA
 FJ038993.2 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA
 A4130076/7 ATTTGAAATA TTTAAACAAA TAAAA-----A GAAAATACTA

.....|.....||.....||.....||.....||...
 310 320 330 340

MN533974.1 AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 MZ958831.1 AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 MK591000.1 AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 NC_053571. AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 NC_054170. AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 HQ415485.1 AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 JX856944.1 AGATGGAGCT TCAATAGCAG CTAGGTCTAG AGGGAAGTTA TGAGCAT
 HG963798.1 AAATAGTATA GTAGAGGGGC GGATGTAGCC AAGTGGATCA AGGCAGT
 GQ428657.1 AAATAGTATA GTAGAGGGGC GGATGTAGCC AAGTGGATCA AGGCAGT
 FJ038991.2 AAATAGTATA GTAGAGGGGC GGATGTAGCC AAGTGGATCA AGGCAGT
 GQ428656.1 AAATAGTATA GTAGAGGGGC GGATGTAGCC AAGTGGATCA AGGCAGT

GQ428655.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGATCA	AGGCAGT
GQ428654.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGATCA	AGGCAGT
GQ428653.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGATCA	AGGCAGT
KP095703.1	AAA-----	-----	-----	-----	-----
KR533978.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AA-----	-----
GQ982373.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGATCA	AGGCAGT
KR533992.1	AAATAGTATA	GTA-----	-----	-----	-----
KR533991.1	AAATAGTATA	GTA-----	-----	-----	-----
KR533979.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	-----	-----	-----
FJ038990.2	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGATCA	-----
KR533984.1	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	-----	-----	-----
FJ038993.2	AAATAGTATA	GTAGAGGGGC	GGATGTAGCC	AAGTGGAT--	-----
A4130076/7	AAACTAAAT	AGTATAGTAG	AGGGGCGGAT	GTAGCCAAGT	GGATCAA

Lampiran 8 Tabel *pairwise distances* hasil *alignment* sekuen dari genus *Sterculia* hasil BLASTn dan sekuen sampel *S. oblongata*

No.	Sekuen	1	2	3	4	5	6
1.	MN533974.1 <i>Sterculia monosperma</i>						
2.	MZ958831.1 <i>Sterculia nobilis</i>	0,0029					
3.	MK591000.1 <i>Sterculia nobilis</i>	0,0029	0,0000				
4.	NC_053571.1 <i>Sterculia monosperma</i>	0,0029	0,0000	0,0000			
5.	HG963798.1 <i>Sterculia apetala</i>	0,6202	0,6231	0,6231	0,6231		
6.	NC_054170.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,0000	0,0033	0,0033	0,0033	0,6172	
7.	HQ415485.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,0034	0,0000	0,0000	0,0000	0,6207	0,0034
8.	JX856944.1 <i>Sterculia foetida</i>	0,0392	0,0425	0,0425	0,0425	0,6316	0,0361
9.	GQ428657.1 <i>Sterculia speciosa</i>	0,6211	0,6242	0,6242	0,6242	0,0310	0,6181
10.	FJ038991.2 <i>Sterculia pruriens</i>	0,6211	0,6242	0,6242	0,6242	0,0341	0,6181
11.	GQ428656.1 <i>Sterculia sp. lisae</i>	0,6211	0,6242	0,6242	0,6242	0,0341	0,6181
12.	GQ428655.1 <i>Sterculia sp. lisae</i>	0,6211	0,6242	0,6242	0,6242	0,0341	0,6181
13.	GQ428654.1 <i>Sterculia frondosa</i>	0,6242	0,6273	0,6273	0,6273	0,0341	0,6215
14.	GQ428653.1 <i>Sterculia frondosa</i>	0,6242	0,6273	0,6273	0,6273	0,0341	0,6215
15.	KP095703.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,6031	0,6070	0,6070	0,6070	0,0269	0,6024
16.	KR533978.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,6139	0,6178	0,6178	0,6178	0,0229	0,6139
17.	GQ982373.1 <i>Sterculia apetala</i>	0,6146	0,6181	0,6181	0,6181	0,0000	0,6146
18.	KR533992.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,6042	0,6083	0,6083	0,6083	0,0247	0,6042
19.	KR533991.1 <i>Sterculia lanceolata</i>	0,6042	0,6083	0,6083	0,6083	0,0247	0,6042

No.	Sekuen	1	2	3	4	5	6
20.	KR533979.1 <i>Sterculia lancefolia</i>	0,6113	0,6154	0,6154	0,6154	0,0240	0,6113
21.	FJ038990.2 <i>Sterculia multiovula</i>	0,6200	0,6233	0,6233	0,6233	0,0332	0,6157
22.	KR533984.1 <i>Sterculia brevissima</i>	0,6113	0,6154	0,6154	0,6154	0,0280	0,6113
23.	FJ038993.2 <i>Sterculia pruriens</i>	0,6165	0,6201	0,6201	0,6201	0,0393	0,6165
24.	4130076/77 <i>Sterculia oblongata</i>	0,6116	0,6147	0,6147	0,6147	0,1364	0,6041

No.	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1.										
2.										
3.										
4.										
5.										
6.										
7.										
8.	0,0274									
9.	0,6218	0,6367								
10.	0,6218	0,6367	0,0031							
11.	0,6218	0,6367	0,0031	0,0000						
12.	0,6218	0,6367	0,0031	0,0000	0,0000					
13.	0,6255	0,6401	0,0031	0,0062	0,0062	0,0062				
14.	0,6255	0,6401	0,0031	0,0062	0,0062	0,0062	0,0000			

No.	17	18	19	20	21	22	23	24
10.								
11.								
12.								
13.								
14.								
15.								
16.								
17.								
18.	0,0247							
19.	0,0247	0,0000						
20.	0,0240	0,0000	0,0000					
21.	0,0375	0,0551	0,0551	0,0535				
22.	0,0280	0,0041	0,0041	0,0040	0,0576			
23.	0,0415	0,0508	0,0508	0,0494	0,0036	0,0535		
24.	0,1530	0,0412	0,0412	0,0640	0,1528	0,0680	0,1464	

RIWAYAT HIDUP

A. Identitas Diri

1. Nama Lengkap : Fauzi Akbar
2. Tempat & Tgl. Lahir : Tegal, 19 April 1999
3. Alamat Rumah : Ds. Karangjati RT 03/RW 01 Kec.
Tarub Kab. Tegal
4. HP : 082322185969
5. E-mail : fauziakbar194@gmail.com,
fauziakbar_1808016006@studen
t.walisongo.ac.id

B. Riwayat Pendidikan

1. Pendidikan Formal
 - a. SDN Karangjati 01 lulus tahun 2011
 - b. MTs Al Hikmah 01 lulus tahun 2014
 - c. MA Al Hikmah 01 lulus tahun 2017
 - d. UIN Walisongo lulus tahun 2021
2. Pendidikan Non-Formal
 - a. Madrasah Diniyah Takmiliyah Awwaliyah Al Islam,
Karangjati Tarub Tegal
 - b. Pondok Pesantren Al Hikmah 01, Komplek Tahfidzul
Qur'an, Benda Sirampog Brebes
 - c. Pondok Pesantren Al Qur'an Al Masthuriyah,
Purwoyoso Ngaliyan Semarang

C. Prestasi

1. Juara 3 Lomba Silat Kelas Seni Putra dalam acara Orientasi Olahraga, Seni, Ilmiah, dan Keterampilan (ORSENIK) 2018, UIN Walisongo
2. Juara 2 Duta Lingkungan dalam acara Biologi Festival 2018, UIN Walisongo
3. Juara 2 Sayembara Video Kreatif Inspiratif dalam acara Gebyar November Saintek 2018, Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo
4. Juara 2 Cerdas Cermat Ilmiah 2019 dalam kegiatan Biologi Festival, UIN Walisongo

D. Riwayat Organisasi

1. Anggota Departemen HRRD UKM Riset dan Teknologi, Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo tahun 2020
2. Wakil Direktur UKM Riset dan Teknologi, Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo tahun 2021
3. Staff Dewan Riset dan Teknologi Forum Saintis Muda Nasional (FOSMAN) tahun 2019
4. Kepala Dewan Pengabdian Masyarakat Forum Saintis Muda Nasional (FOSMAN) tahun 2020
5. Anggota Biro Advokasi PMII Rayon Saintek, Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang tahun 2020-2021