

**KERAGAMAN GENETIK POPULASI *Lithocarpus* sp. DI TAMAN
NASIONAL GUNUNG MERAPI (TNGM)**

SKRIPSI



MARIA SETIYO CAHYANI

31160037

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS BIOTEKNOLOGI
UNIVERSITAS KRISTEN DUTA WACANA
YOGYAKARTA**

2021

**Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung
Merapi (TNGM)**

Skripsi

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh Gelar
Sarjana Sains (S.Si.) pada Program Studi Biologi
Fakultas Bioteknologi
Universitas Kristen Duta Wacana



MARIA SETIYO CAHYANI

31160037

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS BIOTEKNOLOGI
UNIVERSITAS KRISTEN DUTA WACANA
YOGYAKARTA
2021**

**HALAMAN PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI
SKRIPSI/TESIS/DISERTASI UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai sivitas akademika Universitas Kristen Duta Wacana, saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Maria Setiyo
NIM : 31160037
Program studi : Biologi
Fakultas : Bioteknologi
Jenis Karya : Skripsi

Demi pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Kristen Duta Wacana **Hak Bebas Royalti Noneksklusif** (*None-exclusive Royalty Free Right*) atas karya ilmiah saya yang berjudul:

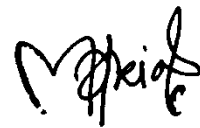
“Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)”

Beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti/Noneksklusif ini Universitas Kristen Duta Wacana berhak menyimpan, mengalih media/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat dan mempublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama kami sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.

Dibuat di : Yogyakarta
Pada Tanggal : 13 Januari 2021

Yang menyatakan



(Maria Setiyo Cahyani)

NIM : 31160037

LEMBAR PENGESAHAN NASKAH SKRIPSI

Judul Proposal : Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)

Nama : Maria Setiyo Cahyani

NIM : 31160037

Pembimbing I : Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

Pembimbing II : Dr. Suhendra Pakpahan

Hari/Tanggal Presentasi : 13 Januari 2021

Disetujui oleh :

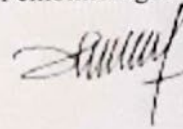
Pembimbing I



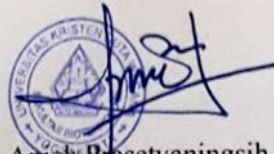
Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

Ketua Program Studi Biologi

Pembimbing II



Dr. Suhendra Pakpahan



Dra. Amek Prasetyaningsih, M.Si.

NIK: 884 E 075

LEMBAR PENGESAHAN

Skripsi dengan judul:

Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)

Telah diajukan dan dipertahankan oleh:

MARIA SETIYO CAHYANI

31160037

Dalam Ujian Skripsi Program Studi Biologi

Fakultas Bioteknologi

Universitas Kristen Duta Wacana

Dan dinyatakan DITERIMA untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar

Sarjana Sains (S.Si.) pada tanggal 13 Januari 2021

Nama Dosen

1. Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

(Dosen Pembimbing I / Dosen Penguji I)

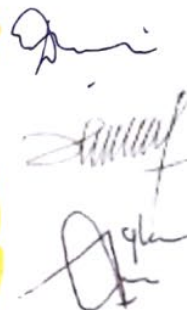
2. Dr. Suhendra Pakpahan

(Dosen Pembimbing II / Dosen Penguji II)

3. Prof. Ris. Dr. Ir. AYPBC Widyatmoko, M.Agr.

(Dosen Penguji III)

Tanda Tangan



DU TA WACANA

Yogyakarta, 13 Januari 2021

Disahkan Oleh :

Dekan,


Drs. Kisworo, M.Sc.
NIK: 874 E 054

Ketua Program Studi Biologi,


Dra. Aniek Prasetyaningsih, M.Si.
NIK: 884 E 075

LEMBAR PERNYATAAN

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Maria Setiyo Cahyani

NIM : 31160037

Menyatakan dengan sesungguhnya bahwa skripsi dengan judul:

Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)

adalah hasil karya saya dan bukan merupakan duplikasi sebagian atau sepenuhnya dari karya orang lain, yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu Perguruan Tinggi, dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan orang lain, kecuali yang secara tertulis diacu di dalam naskah ini dan disebutkan dalam daftar pustaka.

Pernyataan ini dibuat dengan sebenar-benarnya secara sadar, bertanggung jawab dan saya bersedia menerima sanksi pembatalan skripsi apabila terbukti melakukan duplikasi skripsi atau karya ilmiah lain yang sudah ada.

Yogyakarta, Januari 2021



(Maria Setiyo Cahyani)

31160037

KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis haturkan pada Tuhan Yang Maha Esa, karena atas berkat, rahmat, dan kasih karunia-Nya, sehingga dapat menyelesaikan skripsi dengan judul “**Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)**”. Proses penelitian hingga penulisan skripsi ini dapat diselesaikan berkat bimbingan, bantuan serta motivasi dari berbagai pihak, untuk itu penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. **Tuhan Yesus Kristus** atas berkat dan penyertaanNya sampai penulis dapat menyelesaikan penelitian ini.
2. **Dr. Dhira Satwika, M.Sc.** selaku dosen pembimbing pertama atas dukungan, motivasi dan kesabarannya dalam membimbing saya selama proses penyelesaian skripsi.
3. **Dr. Suhendra Pakpahan**, selaku dosen pembimbing II yang telah memberikan dukungan dan arahan selama proses penyelesaian skripsi.
4. **Bapak Prof. Ris. Dr. Ir. AYPBC Widyatmoko, M.Agr dan Ibu Purnamila Sulistyawati, S.Si. M.Agr.Sc.**, atas dukungannya dalam membimbing saya selama proses penelitian.
5. **Dosen-dosen, staf admin dan laboran Fakultas Bioteknologi UKDW**, atas bantuan dan bimbingannya selama proses penelitian.
6. **Keluarga**, yang selalu memberi dukungan doa dan kasih serta selalu mendorong penulis untuk melakukan yang terbaik dalam penelitian ini.
7. Sahabat-sahabat saya **Annabelle Indryana Purwanto, Kurmia Citra Tandipare, Putri Indah Lestari S. Pono, Anjela Noya, Eunike Sonia**, serta teman-teman seangkatan 2016 yang selalu memberikan dukungan dan semangat.

Demikian skripsi ini disusun, penulis menyadari masih banyak kekurangan dalam penulisan skripsi ini. Semoga melalui tulisan ini dapat bermanfaat bagi masyarakat dan kemajuan pendidikan serta ilmu pengetahuan.

Yogyakarta, 7 Januari 2021

Penulis

DAFTAR ISI

	Hal.
HALAMAN SAMPUL DEPAN	I
HALAMAN JUDUL BAGIAN DALAM	II
HALAMAN PENGESAHAN NASKAH SKRIPSI.....	III
HALAMAN PENGESAHAN PENGUJI SKRIPSI	IV
LEMBAR PERNYATAAN	V
KATA PENGANTAR	VI
DAFTAR ISI	VII
DAFTAR TABEL	IX
DAFTAR GAMBAR	X
ABSTRAK	XI
ABSTRACT	XII
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang.....	2
1.2 Rumusan Masalah.....	2
1.3 Tujuan Penelitian.....	2
1.4 Manfaat Penelitian.....	2
BAB 2 TINJAUAN PUSTAKA.....	3
2.1 Tanaman <i>Lithocarpus</i> sp.	3
2.2.1 Deskripsi <i>Lithocarpus</i> sp.	3
2.2.2 Distribusi <i>Lithocarpus</i> sp.	4
2.2.3 Konservasi <i>Lithocarpus</i> sp dengan pendekatan molekuler	5
2.2 Keragaman genetik pada tanaman	6
2.3 DNA <i>barcoding</i>	8
BAB 3 METODOLOGI.....	10
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	10
3.2 Alat dan Bahan.....	10
3.2.1 Penentuan nilai keragaman genetik.....	10
3.2.1.1 Alat.....	10
3.2.1.2 Bahan.....	10
3.2.2 Desain primer, studi <i>in silico</i> dan amplifikasi primer potensial <i>matK</i>	11
3.2.2.1 Alat.....	12

3.2.2.2 Bahan.....	12
3.3 Tahapan Penelitian.....	12
3.3.1 Bagan tahapan penelitian.....	12
3.3.2 Penentuan nilai keragaman genetik dengan penanda RAPD....	12
3.3.2.1 Preparasi sampel <i>Lithocarpus</i> sp.....	12
3.3.2.2 Ekstraksi DNA.....	13
3.3.2.3 Kuantifikasi sampel DNA, dobel presipitasi dan dilusi	14
3.3.2.4 Skrinning primer.....	15
3.3.2.5 PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>).....	14
3.3.2.6 Elektroforesis.....	16
3.3.2.7 Analisa data.....	17
3.3.3 <i>Design primer</i> , studi <i>in silico</i> dan amplifikasi	
dengan primer <i>matK</i>	18
3.3.3.1 Desain primer.....	18
3.3.3.2 Identifikasi <i>Lithocarpus</i> sp. berdasarkan sekuen gen <i>matK</i> ..	19
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	20
4.1 Keragaman Genetik <i>Lithocarpus</i> sp. dengan RAPD	21
4.1.1 Seleksi primer RAPD.....	19
4.1.2 Analisa keragaman genetik <i>Lithocarpus</i> sp.	
masing-masing populasi.....	22
4.1.3 Keragaman genetik <i>Lithocarpus</i> sp. antar populasi	24
4.2 DNA <i>Barcoding</i>	
4.2.1 Desain primer dan studi <i>in silico</i> gen <i>matK</i>	
pada <i>Lithocarpus</i> sp.	28
4.2.2 Identifikasi 7 populasi <i>Lithocarpus</i> sp. asal TNGM dan analisis	
filogenetik.....	29
BAB V KESIMPULAN.....	36
DAFTAR PUSTAKA.....	37
LAMPIRAN I.....	41
LAMPIRAN II.....	42
LAMPIRAN III.....	43
LAMPIRAN IV.....	45
LAMPIRAN V.....	46
LAMPIRAN VI.....	48

DAFTAR TABEL

	Hal.
Tabel 1. Jumlah dan asal sampel <i>Lithocarpus</i> sp. yang digunakan dalam penelitian ini	11
Tabel 2. Komposisi buffer CTAB 10%.....	13
Tabel 3. Komponen-komponen PCR yang diperlukan untuk setiap sampel.....	15
Tabel 4. Tahapan dan kondisi PCR analisis RAPD.....	16
Tabel 5. Referensi sekuens gen <i>matK</i> pada <i>Lithocarpus</i> sp. dari <i>database</i> NCBI.....	18
Tabel 6. Primer hasil studi <i>in silico</i> untuk deteksi <i>Lithocarpus</i> sp.	18
Tabel 7. PCR <i>mix</i> yang digunakan untuk amplifikasi primer <i>matK</i> pada 7 sampel DNA <i>Lithocarpus</i> sp.	19
Tabel 8. Kondisi PCR primer <i>matK</i>	19
Tabel 9. Primer RAPD yang digunakan setelah diseleksi dan produk amplifikasi	20
Tabel 10. Nilai keragaman genetik <i>Lithocarpus</i> sp.	22
Tabel 11. Jarak Genetik Antar Populasi <i>Lithocarpus</i> sp.	24
Tabel 12. Nilai diferensiasi genetik <i>Lithocarpus</i> sp.	26
Tabel 13. Analisis Variasi Molekuler (AMOVA).....	27
Tabel 14. Primer <i>matK</i> potensial yang telah disesuaikan dengan kriteria primer PCR.....	28

DAFTAR GAMBAR

	Hal.
Gambar 1. Morfologi <i>Lithocarpus</i> sp. (Desitarani, <i>et al.</i> 2014).....	3
Gambar 2. Distribusi <i>Lithocarpus</i> sp.	4
Gambar 3. Tahapan analisis RAPD. (Pasqualone, A., 2013).....	7
Gambar 4. Posisi gen <i>matK</i> pada cpDNA (Hilu <i>et al.</i> , 1997).....	9
Gambar 5. Peta lokasi pengambilan sampel 7 populasi <i>Lithocarpus</i> sp. yang terdapat di TNGM dan pembagian region setiap populasi.....	11
Gambar 6. Bagan alir tahapan yang dilakukan dalam penelitian ini.....	12
Gambar 7. Hasil amplifikasi primer OPK-01 yang menunjukkan pita polimorfik terhadap 37 individu <i>Lithocarpus</i> sp. dari 7 populasi (No. 1-7) di TNGM setelah divisualisasi.	21
Gambar 8. Hubungan kekerabatan antar populasi <i>Lithocarpus</i> sp. berdasarkan metode UPGMA.....	25
Gambar 9. Hasil PCoA terhadap 7 populasi <i>Lithocarpus</i> sp.	26
Gambar 10. Susunan nukleotida amplicon potensial pada jenis <i>Lithocarpus</i> sp. dengan primer potensial <i>matK</i>	29
Gambar 11. Foto elektroforesis hasil amplifikasi terhadap 7 populasi <i>Lithocarpus</i> sp. asal TNGM dengan primer <i>matK</i> pada posisi pita di sekitar DNA <i>ladder</i> sekitar ukuran 400 bp.....	30
Gambar 12. Pohon filogenetik 7 populasi <i>Lithocarpus</i> sp. asal TNGM dengan 32 jenis <i>Lithocarpus</i> sp. berdasarkan hasil <i>hit list</i> pada <i>GenBank</i> yang endemik di Asia dan 1 <i>outgroup</i> (<i>Trigonobalanus verticillata</i>).....	32

Keragaman Genetik Populasi *Lithocarpus* sp. di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM)

MARIA SETIYO CAHYANI

31160037

Fakultas Bioteknologi, Program Studi Biologi
Universitas Kristen Duta Wacana

Abstrak. *Lithocarpus* sp. merupakan tanaman yang memiliki banyak manfaat dengan persebaran yang luas di Asia. 2 jenis spesies *Lithocarpus* sp. ditemukan di Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM) yang diidentifikasi sebagai *Lithocarpus sundaicus* dan *Lithocarpus indutus*. TNGM merupakan area konservasi yang terletak di lereng Gunung Merapi yang masih aktif sampai sekarang. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui nilai keragaman genetik dari jenis *Lithocarpus* sp. yang diambil dari 7 populasi di sekitar TNGM dengan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) yang kemudian dilanjutkan dengan identifikasi jenis *Lithocarpus* sp. dengan penanda berdasar *barcode* DNA yaitu gen *matK* yang akan di desain secara spesifik untuk *Lithocarpus* sp. Hasil keragaman genetik menunjukkan tingkat keragaman genetik pada tingkat sedang. Hasil identifikasi dengan penanda *matK* yang dirancang untuk *Lithocarpus* sp. menunjukkan potensi primer sebagai penanda potensial *Lithocarpus* sp. di tingkat genus. Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa *Lithocarpus* sp. populasi 5 Sapuangen berkerabat dekat dengan *Lithocarpus sundaicus*. Sedangkan untuk *Lithocarpus* sp. yang berasal dari 6 populasi di TNGM yang lain membentuk 1 *clade* yang diduga merupakan *Lithocarpus indutus* yang informasi molekulernya belum terdapat di NCBI ataupun diduga merupakan spesies *Lithocarpus* sp. jenis lain yang belum diidentifikasi. Data keragaman genetik dan hasil analisis filogenetik dari penelitian ini bisa menjadi sumber informasi untuk merencanakan usaha konservasi yang tepat terhadap *Lithocarpus* sp. di TNGM.

Kata kunci: DNA *barcoding*, Gen *matK*, Keragaman genetik, *Lithocarpus* sp., Konservasi

Genetic Diversity of *Lithocarpus* sp. Population at Mount Merapi National Park (MMNP)

MARIA SETIYO CAHYANI

31160037

Faculty of Biotechnology, Department of Biology
Duta Wacana Christian University

Abstract. *Lithocarpus* sp. is a plant with a lot of benefits which has a wide range of distribution in Asia. 2 species of *Lithocarpus* sp. are found at Mount Merapi National Park (MMNP or TNGM), which identified as *Lithocarpus sunndaicus* and *Lithocarpus indutus*. MMNP is a conservation area located on the slopes of Mount Merapi which is an active volcano. This study was conducted to determine the value of genetic diversity of *Lithocarpus* sp. that taken from 7 populations around MMNP based on RAPD markers (Random Amplified Polymorphic DNA) and then followed by identification of *Lithocarpus* sp. based on DNA barcode, *matK* gene that specifically designed for *Lithocarpus* sp. The genetic diversity results indicated a moderate level of genetic diversity. Identification result shows that *matK* marker that specifically designed for *Lithocarpus* sp. shows the primer potential as a marker to identify *Lithocarpus* sp. at genus level. Phylogenetic analysis result shows that *Lithocarpus* sp. from population number 5 Sapuangen is closely related to *Lithocarpus sunndaicus*. Meanwhile *Lithocarpus* sp. from 6 other populations at MMNP formed 1 clade which is presumed either as *Lithocarpus* sp. or other species that have not been identified. Genetic diversity data and phylogenetic analysis result from this research can be a source of information to design appropriate conservation efforts for *Lithocarpus* sp. at MMNP.

Keywords : Conservation, DNA *barcoding*, Genetic diversity, *Lithocarpus* sp., *matK* gene

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan negara yang tercatat sebagai salah satu negara yang kaya dengan biodiversitasnya. Salah satu penyusun biodiversitas yang ada di Indonesia yaitu keanekaragaman flora. Tanaman *Lithocarpus* sp. yang dikenal juga sebagai tanaman pasang merupakan salah satu jenis flora yang terdapat di Indonesia.

Lithocarpus sp. umumnya dimanfaatkan batangnya sebagai bahan bangunan oleh masyarakat dan sebagai tanaman besar, *Lithocarpus* sp. juga memiliki fungsi bagi ekosistem yaitu menjadi habitat bagi makhluk hidup lainnya seperti anggrek *Appendicula elegans*, lutung Jawa dan jamur *Pleurotus* sp. Dari beberapa jenis *Lithocarpus* sp. yang terdapat di Indonesia, diidentifikasi 2 jenis *Lithocarpus* sp. yang terdapat di area konservasi Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM) (Desitarani, *et al.*, 2014).

Taman Nasional Gunung Merapi (TNGM) terletak di lereng Gunung Merapi merupakan salah satu kawasan konservasi di Indonesia. Menurut Keputusan Menteri Kehutanan No. 134/Mehut-II/2004, TNGM meliputi daerah Kabupaten Magelang, Boyolali dan Klaten Provinsi Jawa Tengah, dan Kabupaten Sleman di Provinsi Daerah Istimewa Yogyakarta.

Letak area TNGM yang terletak di lereng Gunung Merapi yang sampai saat ini masih aktif, menyebabkan kedua jenis *Lithocarpus* sp. tersebut berpotensi mengalami penurunan ukuran populasi. Penurunan ukuran populasi tidak diinginkan karena dapat meningkatkan kemungkinan terjadinya *inbreeding* yang akan berdampak terhadap kemampuan survival *Lithocarpus* sp. di habitatnya. Oleh sebab itu, perlu dilakukan usaha konservasi terhadap *Lithocarpus* sp. khususnya yang terdapat di area TNGM.

Usaha konservasi dengan pendekatan secara molekuler saat ini lebih dipilih sebab pendekatan ini dapat memperoleh hasil sampai ke tingkat genetik sehingga hasil yang diperoleh lebih akurat. Aplikasi secara molekuler sebagai usaha konservasi dapat dilakukan dengan menggunakan penanda genetik. Beberapa teknik secara molekuler yang dapat dilakukan yaitu pencarian nilai keragaman genetik dari jenis tertentu dan identifikasi jenis untuk membedakan jenis yang secara morfologi mempunyai kemiripan yang tinggi.

Teknik secara molekuler dilakukan dengan menggunakan penanda genetik seperti RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) dapat diaplikasikan untuk mencari nilai keragaman genetik. Penanda RAPD memiliki keunggulan berupa teknik pengerjaannya yang relatif lebih

mudah dan hasil lebih cepat diperoleh. Selain itu, penanda genetik ini tidak memerlukan informasi urutan khusus sekuens sampel DNA, sehingga penanda ini yang dapat diaplikasikan pada sampel DNA yang belum diidentifikasi jenis spesiesnya (Williams *et al.*, 1990).

Penanda molekuler lain didasarkan atas susunan *barcode* DNA pada sampel DNA. Susunan *barcode* DNA tersebut digunakan untuk identifikasi jenis yang akan dianalisa (Kang *et al.*, 2017). Saat ini, untuk tanaman beberapa *barcode* DNA yang telah terstandarisasi yaitu *matK*, *rbcL* dan ITS (CBOL Plant Working Group, *et al.*, 2009)

Sebagai strategi konservasi terhadap jenis *Lithocarpus* sp. di TNGM yaitu *Lithocarpus indutus* dan *Lithocarpus sundaicus*, maka dapat dilakukan penentuan nilai keragaman genetik dengan penanda RAPD dan dilanjutkan dengan identifikasi *Lithocarpus* sp. yang terdapat di TNGM dengan menggunakan primer yang didesain secara spesifik untuk *Lithocarpus* sp. berdasarkan *barcode* DNA gen *matK*. Kedua informasi yang diperoleh dari penelitian ini dapat mendukung strategi konservasi.

1.2 Rumusan Masalah

Penentuan dan analisis nilai keragaman genetik *Lithocarpus* sp. dari 7 populasi di TNGM dan perancangan penanda genetik *matK* yang spesifik untuk jenis *Lithocarpus* sp. untuk verifikasi dan identifikasi jenis spesies *Lithocarpus* sp. yang terdapat di TNGM sebagai usaha konservasi.

1.3 Tujuan Penelitian

1. Mengetahui tingkat keragaman genetik, jarak genetik dan hubungan kekerabatan antar populasi *Lithocarpus* sp. yang diambil dari 7 populasi di TNGM yang diuji menggunakan penanda RAPD.
2. Identifikasi jenis spesies *Lithocarpus* sp. yang terdapat di TNGM dengan penanda genetik *matK* yang dirancang secara spesifik untuk *Lithocarpus* sp.

1.4 Manfaat Penelitian

1. Hasil penelitian ini diharapkan memberikan informasi mengenai keragaman genetik dan distribusinya, serta hubungan kekerabatan terhadap 7 populasi *Lithocarpus* sp. asal TNGM.
2. Hasil penelitian diharapkan dapat digunakan dalam menentukan strategi konservasi *Lithocarpus* sp. dan bahan kajian bagi penelitian selanjutnya.

BAB V

KESIMPULAN

Hasil penelitian ini memberi informasi keragaman genetik *Lithocarpus* sp. di TNGM yang perlu mendapat perhatian untuk segera dilakukan upaya konservasi. Penentuan jenis *Lithocarpus* sp. berdasar gen *matK* juga memberi informasi kemungkinan munculnya jenis baru atau belum terdapat pada database NCBI.

©UKDW

DAFTAR PUSTAKA

- Ajambang, W., Sudarsono, D. Asmono & N. Toruan. (2012). Microsatellite Markers Reveal Cameroon's Wild Oil Palm Population As A Possible Solution To Broaden The Genetic Base In The Indonesia-Malaysia Oil Palm Breeding Programs. *African Journal of Biotechnology*. 11 (69): 13244-13249.
- Aruga, D., Tsuchiya, N., Matsumura, H., Matsumoto, E., & Hayashida, N. (2012). Analysis of RAPD and AFLP markers linked to resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* race 2 in lettuce (*Lactuca sativa* L.). *Euphytica*, 187(1), 1-9.
- Barthet, M. M., Hilu, K. W. (2007). Expression of matK: functional and evolutionary implications. *American Journal of Botany*, 94(8), 1402-1412.
- Basu, C. (Ed.). (2015). PCR primer design. New york: Humana Press.
- Boshier, D. H.(2000). Mating systems. dalam Young, A., Boshier, D. & Boyle, T. (eds.). Forest Conservation Genetics: Principle and Practice. *Csiro Publishing*. Australia.
- Cannon, Charles H. (2001). Morphological and Molecular Diversity in *Lithocarpus* (Fagaceae) of Mount Kinabalu. *Sabah Parks Nature Journal* Vol. 4: 45-69.
- Chang, Y., Oh, E.U., Lee, M.S. *et al.* Construction of a genetic linkage map based on RAPD, AFLP, and SSR markers for tea plant (*Camellia sinensis*). *Euphytica* **213**, 190 (2017). <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1979-0>
- Desitarani, W. H., Miyakawa, H., Rachman, I., Sulistyono, R., & Partomiharjo, T. (2014). Buku Panduan Lapangan Jenis-Jenis Tumbuhan Restorasi.
- Deng, Y., Liu, T., Xie, Y., Wei, Y., Xie, Z., Shi, Y., & Deng, X. (2020). High Genetic Diversity and Low Differentiation in *Michelia shiluensis*, an Endangered Magnolia Species in South China. *Forests*, 11(4), 469.
- Erickson, D. L., Jones, F. A., Swenson, N. G., Pei, N., Bourg, N. A., Chen, W. Kress, W. J. (2014). Comparative evolutionary diversity and phylogenetic structure across multiple forest dynamics plots: a mega-phylogeny approach. *Frontiers in genetics*, 5, 358.
- Finkeldey, R. & Hattemer, H.H. (2005). Tropical Forest Genetic. Verlaag Berlin Heidelberg: Springer.
- Frankham, R., Ballou, J.D. dan Briscoe, D.A. (2004). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press: Cambridge.
- Hadrys, H., Balick, M., & Schierwater, B. (1992). Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular ecology*, 1(1), 55-63.
- Hall, B.G. (2001). *Phylogenetic Trees Made Easy: A How - To Manual for Molecular Biologists*. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts, USA.
- Hamrick, J.L. and Godt, M.J.W. (1996) Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Transaction of the Royal Society of London Series B*, 351, 1291-1298. doi:10.1098/rstb.1996.0112
- Haryjanto, L. (2009). Keragaman genetik cendana (*Santalum album* Linn.) dari Kepulauan Nusa Tenggara Timur di Kebun Konservasi Ex Situ Watusipat Gunungkidul dan ras lahan Wanagama. Kehutanan, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.

- Haryati, J. R., & Azrianingsih, R. (2012). Ethno-Edible Mushroom of *Pleurotus* sp., *Clytocybe nebularis* and *Auricularia auricula* in Ranupani Village, East Java. *Journal of Tropical Life Science*, 2(2), 40-43.
- Hasnah, T. M. (2014). Keragaman Genetik Meranti (*Shorea leprosula* Miq.) Asal Kalimantan Dengan Analisis Isozim. *Jurnal Penelitian Ekosistem Dipterokarpa*, 8(1), 35-46.
- Heckenhauer, J., Abu Salim, K., Chase, M. W., Dexter, K. G., Pennington, R. T., Tan, S., Samuel, R. (2017). Plant DNA barcodes and assessment of phylogenetic community structure of a tropical mixed dipterocarp forest in Brunei Darussalam (Borneo). *PloS one*, 12(10), e0185861.
- Hidayat, T., Adi P. (2008). Kajian Filogenetika Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Angrek. *Jurnal AgroBiogen* 4(1): 35-40.
- Hilu, K. W., Borsch, T., Müller, K., Soltis, D. E., Soltis, P. S., Savolainen, V., Chatrou, L. W. (2003). Angiosperm phylogeny based on *matK* sequence information. *American journal of botany*, 90(12), 1758-1776.
- Hilu, K. W., H. Liang. (1997). The *matK* gene: sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany* 84: 830– 839.
- Group, C. P. W., Hollingsworth, P. M., Forrest, L. L., Spouge, J. L., Hajibabaei, M., Ratnasingham, S., Little, D. P. (2009). A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(31), 12794-12797.
- IUCN. (2001). IUCN Policy on the Management of Ex-Situ Populations for Conservation. IUCN, Gland, Switzerland.
- Jeanson, M. L., Labat, J. N., Little, D. P. (2011). DNA barcoding: a new tool for palm taxonomists?. *Annals of botany*, 108(8), 1445-1451.
- Johnson, L. A., & Soltis, D. E. (1994). *matK* DNA sequences and phylogenetic reconstruction in Saxifragaceae s. str. *Systematic botany*, 143-156.
- Kang, Y., Deng, Z., Zang, R., & Long, W. (2017). DNA barcoding analysis and phylogenetic relationships of tree species in tropical cloud forests. *Scientific reports*, 7(1), 1-9.
- Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2007). A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *PLoS one*, 2(6), e508.
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., Janzen, D. H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(23), 8369-8374.
- Kua, C. S., & Cannon, C. H. (2017). Patterns of genomic diversification reflect differences in life history and reproductive biology between figs (*Ficus*) and the stone oaks (*Lithocarpus*). *Genome*, 60(9), 756–761. <https://doi.org/10.1139/gen-2016-0188>
- Kumar, N. S., dan Gurusubramanian, G. (2011). Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers and Its Applications. *Sci Vis* .11 (3), hlm. 116-124.
- Lahaye, R., Van der Bank, M., Bogarin, D., Warner, J., Pupulin, F., Gigot, G., ... & Savolainen, V. (2008). DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(8), 2923-2928.

- Li, J., Jin, Z., Lou, W. (2008). Genetic diversity of *Lithocarpus harlandii* populations in three forest communities with different succession stages. *Front. For. China* 3, 106–111. <https://doi.org/10.1007/s11461-008-0017-8>.
- Liu, J., Yan, H. F., Newmaster, S. G., Pei, N., Ragupathy, S., & Ge, X. J. (2015). The use of DNA barcoding as a tool for the conservation biogeography of subtropical forests in China. *Diversity and Distributions*, 21(2), 188-199.
- Liu, M., Compton, S. G., Peng, F. E., Zhang, J., & Chen, X. Y. (2015). Movements of genes between populations: are pollinators more effective at transferring their own or plant genetic markers?. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282(1808), 20150290.
- Low AJ, Boshier D, Ward M, Bacles CFE, Navarro C. (2005). Genetic resource loss following habitat fragmentation and degradation; reconciling predicted theory with empirical evidence. *Heredity* 95: 255–273.
- Malik, S.K., Rohini, M.R., Kumar, S. (2012). Assessment of Genetic Diversity in Sweet Orange [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck] Cultivars of India Using Morphological and RAPD Markers. *Agric Res* 1, 317–324. <https://doi.org/10.1007/s40003-012-0045-3>.
- Manos, P. S., Cannon, C. H., Oh, S. H. (2008). Phylogenetic relationships and taxonomic status of the paleoendemic Fagaceae of western North America: recognition of a new genus, *Notholithocarpus*. *Madroño*, 55(3), 181-190.
- McCulloch, E. S., Stevens, R. D. (2011). Rapid development and screening of microsatellite loci for *Artibeus lituratus* and their utility for six related species within *Phyllostomidae*. *Molecular Ecology Resources*, 11: 903-913.
- McDermott JM and BA McDonald. (1993). Gene flow in plant pathosystems. *Ann. Rev. Phytopathol.* 31, 353- 373.
- Nei M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89:583–590.
- Nei, M. (1973). The theory and estimation of genetic distance. *Genetic structure of populations*, 45-54.
- Nei, M. (1972) Genetic Distance between Populations. *American Naturalist*, 106, 283-292. <http://dx.doi.org/10.1086/282771>
- Nongrum, I., Kumar, S., Kumaria, S. (2012). Genetic variation and gene flow estimation of *Nepenthes khasiana* Hook. f. - A threatened insectivorous plant of India as revealed by RAPD markers. *J. Crop Sci. Biotechnol.* 15, 101–105. <https://doi.org/10.1007/s12892-011-0070-y>
- Nguyen Van N, N. V. H., Hoang Thi, B., Tagane, S., Toyama, H., Son, H. T., Tran Viet Ha, Y. T. (2018). *Lithocarpus vuquangensis* (Fagaceae), a new species from Vu Quang National Park, Vietnam. *PhytoKeys* 95: 15–25.
- Nizami, S.M., Yiping, Z., Zheng, Z. (2017). Evaluation of forest structure, biomass and carbon sequestration in subtropical pristine forests of SW China. *Environ Sci Pollut Res* 24, 8137–8146. <https://doi.org/10.1007/s11356-017-8506-7>
- Nurfadillah, Siti. (2015). Diveristy of Epiphytic Orchids and Host Trees (Phorophytes) in Secondary Forest of Coban Trisula, Malang Regency, East Java, Indonesia. *BIOTROPIA* Vol. 22 No. 2: 120 – 128. doi: 10.11598/btb.2015.22.2.450.

- Nurtjahtjaningsih, I. L. G., Widyatmoko, A. Y. P. B. C., Rimbawanto, A. (2013). Karakterisasi Dan Aplikasi Penanda Mikrosatelit Pada Beberapa Species Eucalyptus. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 7(2), 107-118.
- Olmstead, R. G., J. D. Palmer. (1994). Chloroplast DNA systematics: a review of methods and data analysis. *American Journal of Botany* 81: 1205–1224.
- Pangestika, Y., Budiharjo, A., Kusumaningrum, H. P. (2015). Analisis Filogenetik *Curcuma Zedoaria* (Temu Putih) Berdasarkan Gen Internal Transcribed Spacer (Its). *Jurnal Akademika Biologi*, 4(4), 8-13
- Pasqualone, A. (2013). Cultivar identification and varietal traceability in processed foods: molecular approach. *Cultivars: Chemical Properties, Antioxidant Activities and Health Benefits*, 83-105.
- Poerba, Y.S. Ahmad, F., (2013), Genetic diversity analysis of *Musa balbisiana* Colla based on RAPD and ISSR markers, *Berita Biologi*, 12(2), 259-267.
- Probojati, R. T., Wahyudi, D., & Hapsari, L. (2019). Clustering analysis and genome inference of Pisang Raja local cultivars (*Musa* spp.) from Java Island by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) marker. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 4(02), 42-53.
- Purwaningsih, P., & Polosakan, R. (2016). Keanekaragaman Jenis Dan Sebaran Fagaceae Di Indonesia. *Ethos: Jurnal Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat*, 85-92.
- Roslim, I.D., A. Hartana, Suharsono. (2003). Hubungan genetika populasi kelapa dalam Banyuwangi, Lubuk Pakam, dan Paslaten berdasarkan analisis RAPD (Random Amplified Polimorphic DNA). *Jurnal Natur Indonesia* 6(1):5-10.
- Sass, C., Little, D. P., Stevenson, D. W., Specht, C. D. (2007). DNA barcoding in the cycadales: testing the potential of proposed barcoding markers for species identification of cycads. *PloS one*, 2(11), e1154.
- Siregar, U. J., & Olivia, R. D. (2012). Keragaman genetik populasi sengon (*Paraserianthes falcataria* (L) Nielsen) pada hutan rakyat di Jawa berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal silvikultur tropika*, 3(2).
- Slatkin, M. (1985), Rare Alleles As Indicators Of Gene Flow. *Evolution*, 39: 53-65. doi:[10.1111/j.1558-5646.1985.tb04079.x](https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb04079.x)
- Soepadmo, E. (1970). Florae Malesianae Praecursores XLIX Malesian Species of *Lithocarpus* BL. (Fagaceae). *Herbarium Bogoriense*, Vol. 8, pp. 197-308. Bogor. Dapat diakses: <http://e-journal.biologi.lipi.go.id/index.php/reinwardtia/article/view/953/807>.
- Sulistiyadi, E., Kartono, A. P., Maryanto, I. (2013). Pergerakan Lutung Jawa *Trachypithecus auratus* (E. Geoffroy 1812) Pada Fragmen Habitat Terisolasi Di Taman Wisata Alam Gunung Pancar (TWAGP) Bogor. *Berita Biologi*, 12(3), 383-395.
- Sun, F.D., Meng, L., Yang, H.X., Mao, P.C., Gao, H.W. (2011). Genetic Diversity of *Arrenatherium elasticum* germplasm with inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Afr. J. Biotechnol.* 10(56) : 8729 – 8736.
- Thormann CE, Ferreira ME, Camargo LEA, Tivang JG, Osborn TC. (1994). Comparison of RFLP and RAPD markers for estimating genetic relationships within and among cruciferous species. *Theor Appl Genet* 88:973-980.

- Vaja, K.N., Gajera, H.P., Katakpara, Z.A. (2016). Biochemical indices and RAPD markers for salt tolerance in wheat genotypes. *Ind J Plant Physiol.* 21, 143–150. <https://doi.org/10.1007/s40502-016-0215-6>
- Warburton, C. L., James, E. A., Fripp, Y. J., Trueman, S. J., Wallace, H. M. (2000). Clonality and sexual reproductive failure in remnant populations of *Santalum lanceolatum* (Santalaceae). *Biological conservation*, 96(1), 45-54.
- Weeden, N.F., G.M. Timmerman, M. Hemmat, B.E. Kneen, and M.A. Lodhi. (1992). Inheritance and reliability of RAPD markers. In: Applications of RAPD Technology to Plant Breeding. *Joint Plant Breeding Symposia Series*. Crop Science Society of America, Madison, WI.
- Weising K, Nybom H, Wolff K, Kahl G. (2005). DNA Fingerprinting in Plants Principles, Methods and Applications. Boca Raton: CRC Press.
- Williams, JGK., Kubelik, AR., Livak, KJ., Rafalski, JA., Tingey, SV., (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.*, 18: 6531–6535.
- Yan, M., Xiong, Y., Liu, R., Deng, M., Song, J. (2018). The application and limitation of universal chloroplast markers in discriminating east Asian evergreen oaks. *Frontiers in plant science*, 9, 569.
- Yang, C. K., Chiang, Y. C., Huang, B. H., Ju, L. P., Liao, P. C. (2018). Nuclear and chloroplast DNA phylogeography suggests an Early Miocene southward expansion of *Lithocarpus* (Fagaceae) on the Asian continent and islands. *Botanical studies*, 59(1), 27.
- Yeh F, Yang RC, Boyle T. (1997). Popgene, the user friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Center, University of Albert; Edmonton.