

**DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*)  
Koleksi Kebun Raya Bogor**

**Skripsi**



**Ester Oktaviana Iswuryani  
31180197**

**Program Studi Biologi  
Fakultas Bioteknologi  
Universitas Kristen Duta Wacana  
Yogyakarta**

**2022**

**DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*)  
Koleksi Kebun Raya Bogor**

**Skripsi**

Sebagai Salah Satu Syarat untuk Memperoleh  
Gelar Sarjana Sains (S.Si.)  
pada Program Studi Biologi, Fakultas Bioteknologi  
Universitas Kristen Duta Wacana



**Ester Oktaviana Iswuryani  
31180197**

**Program Studi Biologi  
Fakultas Bioteknologi  
Universitas Kristen Duta Wacana  
Yogyakarta**

**2022**

**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 : Ester Oktaviana Iswuryani  
NIM : 31180197  
Program studi : Biologi  
Fakultas : Bioteknologi  
Jenis Karya : Skripsi

demikian 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:

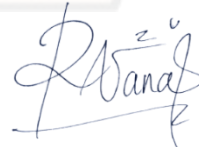
**“DNA Barcoding Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*) Koleksi Kebun Raya Bogor”**

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 : 5 Juli 2022

Yang menyatakan,



(Ester Oktaviana Iswuryani)

NIM: 31180197

## HALAMAN PENGESAHAN TIM PENGUJI

Skripsi dengan judul:

**DNA *BARCODING* TUMBUHAN KENARI (*Canarium vulgare*)**

**KOLEKSI KEBUN RAYA BOGOR**

Telah diajukan dan dipertahankan oleh:

**ESTER OKTAVIANA ISWURYANI**




**31180197**

dalam Ujian Skripsi Program Studi Biologi

Fakultas Bioteknologi

Universitas Kristen Duta Wacana

dan dinyatakan DITERIMA untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Sains pada tanggal 8 Februari 2022

	<b>Nama Dosen</b>	<b>Tanda Tangan</b>
1.	Dr. Dhira Satwika, M.Sc. (Dosen Pembimbing I/ Ketua Penguji) *	
2.	Muhammad Rifqi Hariri, M.Si. (Dosen Pembimbing II/ Dosen Penguji 2) *	
3.	Irfan Martiansyah, M.Si. (Dosen Penguji 3)	

**Disahkan Oleh:**

Dekan,


Drs. Guruh Prihatmo, M.S.

NIK: 874 E 055

Ketua Program Studi,



Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

NIK: 904 E 146

## HALAMAN PERESTUJUAN

Judul Proposal : DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*) Koleksi Kebun Raya Bogor  
Nama : Ester Oktaviana Iswuryani  
Nomor Induk Mahasiswa : 31180197  
Hari/ Tanggal Ujian : Selasa, 8 Februari 2022

Disetujui oleh:

Pembimbing I,



Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

NIK: 904 E 146

Pembimbing II,



Muhammad Rifqi Hariri, M.Si.

NIP: 199005212018011004

Ketua Program Studi Biologi,



Dr. Dhira Satwika, M.Sc.

NIK: 904 E 146

DUTA WACANA

## HALAMAN PERNYATAAN INTEGRITAS

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Ester Oktaviana Iswuryani

NIM : 31180197

Menyatakan dengan sesungguhnya bahwa skripsi dengan judul:

**“DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*)  
Koleksi Kebun Raya Bogor”**

adalah hasil karya saya dan bukan merupakan duplikasi sebagian atau seluruhnya 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 dan bertanggung jawab dan saya bersedia menerima sanksi pembatalan skripsi apabila terbukti melakukan duplikasi terhadap skripsi atau karya ilmiah lain yang sudah ada.

Yogyakarta, 3 Februari 2022



(Ester Oktaviana Iswuryani)

NIM: 31180197

## KATA PENGANTAR

Puji Syukur kepada Tuhan Yang Maha Esa atas berkat dan karunia-Nya, maka penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan judul “DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*) Koleksi Kebun Raya Bogor”. Skripsi ini disusun sebagai syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains (S.Si.). Penulis menyadari penyelesaian pembuatan skripsi ini tidak terlepas dari bimbingan dan dukungan berbagai pihak. Penulis mengucapkan terimakasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. **Tuhan Yesus Kristus** atas berkat dan kasih karunia-Nya, penulis mampu menyelesaikan penelitian dan penulisan ini dengan baik dan lancar;
2. **Dr. Dhira Satwika, M.Sc.**, selaku dosen pembimbing I yang memberikan pengarahan dan dukungan, sehingga skripsi ini diselesaikan dengan baik;
3. **Muhammad Rifqi Hariri, M.Si.**, selaku dosen pembimbing II yang memberikan pengarahan dan dukungan, sehingga penelitian diselesaikan dengan baik;
4. **Kepala Pusat Riset Konservasi Tumbuhan dan Kebun Raya**, Badan Riset dan Inovasi Nasional atas izinnya untuk melakukan penelitian skripsi di Laboratorium Treub;
5. **Ketua Tim Riset *Global Tree Assessment*** atas izinnya untuk menggunakan sampel dan bahan penelitian sebagai material penelitian skripsi;
6. **Istiyar, Heni Wuryaningsih, Avrilia Istyaningsih dan Hengky Agustinus** selaku keluarga yang memberikan dukungan dan semangat;
7. **Irfan Martiansyah, M.Si. dan Ratih Restiani, S.Si., M. Biotech.**, yang telah memberikan pengarahan dan dukungan;
8. **Vinny, Erica, Seli, Royen, Yulia dan Majid** yang memberikan dukungan.

Penulis menyadari bahwa skripsi jauh dari sempurna. Oleh karena itu, penulis memohon saran dan kritik membangun demi kesempurnaan skripsi ini, agar dapat bermanfaat bagi kita semua.

Yogyakarta, 3 Februari 2022

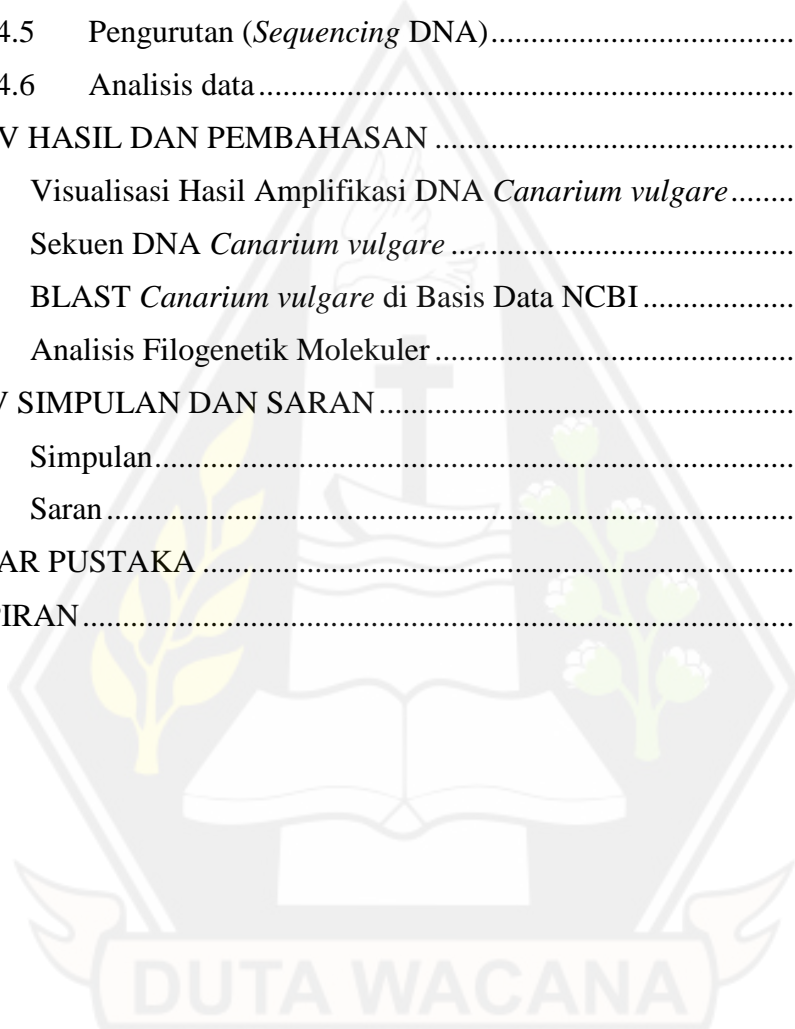
Penulis

## DAFTAR ISI

	<b>Halaman</b>
HALAMAN SAMPUL DEPAN .....	i
HALAMAN JUDUL BAGIAN DALAM .....	ii
HALAMAN PENGESAHAN TIM PENGUJI .....	iii
HALAMAN PERSETUJUAN.....	iv
HALAMAN PERNYATAAN INTEGRITAS.....	v
KATA PENGANTAR .....	vi
DAFTAR ISI.....	vii
DAFTAR TABEL.....	ix
DAFTAR GAMBAR .....	x
DAFTAR LAMPIRAN.....	xi
ABSTRAK .....	xii
<i>ABSTRACT</i> .....	xiii
BAB I PENDAHULUAN .....	1
1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	2
1.3 Tujuan Penelitian.....	3
1.4 Manfaat Penelitian.....	3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA .....	4
2.1 Tumbuhan <i>Canarium vulgare</i> .....	4
2.2 DNA <i>Barcoding</i> .....	6
2.2.1 Pengertian dan prinsip DNA <i>barcoding</i> .....	6
2.2.2 <i>Ribulose- 1, 5-bisphosphate carboxylase oxygenase (rbcL)</i> .....	7
2.2.3 <i>psbA-trnH intergenic spacer</i> .....	8
2.2.4 <i>Internal Transcribed Spacer (ITS)</i> .....	9
BAB III BAHAN DAN METODE PENELITIAN.....	10
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian .....	10
3.2 Bahan dan Alat Penelitian .....	10
3.2.1 Bahan.....	10
3.2.2 Alat.....	11



3.3	Metode Penelitian.....	11
3.4	Pelaksanaan Penelitian .....	12
3.4.1	Preparasi sampel tumbuhan <i>Canarium vulgare</i> .....	12
3.4.2	Ekstraksi.....	12
3.4.3	PCR ( <i>Polymerase Chain Reaction</i> ).....	13
3.4.4	Elektroforesis .....	14
3.4.5	Pengurutan ( <i>Sequencing DNA</i> ).....	15
3.4.6	Analisis data .....	15
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN .....		18
4.1	Visualisasi Hasil Amplifikasi DNA <i>Canarium vulgare</i> .....	18
4.2	Sekuen DNA <i>Canarium vulgare</i> .....	21
4.3	BLAST <i>Canarium vulgare</i> di Basis Data NCBI.....	22
4.5	Analisis Filogenetik Molekuler .....	25
BAB V SIMPULAN DAN SARAN .....		33
5.1	Simpulan.....	33
5.2	Saran .....	33
DAFTAR PUSTAKA .....		34
LAMPIRAN.....		40



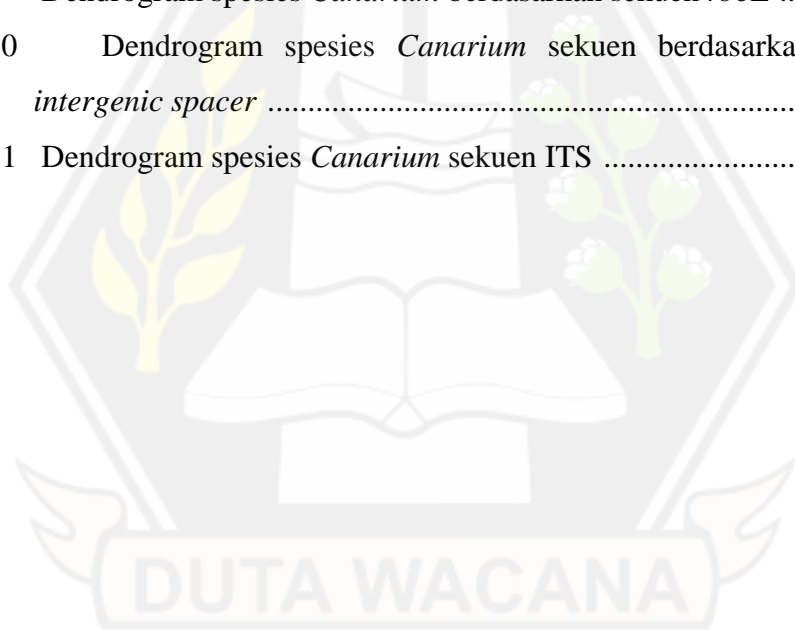
## DAFTAR TABEL

Nomor Tabel	Judul Tabel	Halaman
1	Urutan nukleotida primer untuk amplifikasi DNA .....	12
2	Hasil BLAST <i>Canarium vulgare</i> dengan sekuen <i>rbcL</i> .....	23
3	Hasil BLAST <i>Canarium vulgare</i> dengan sekuen <i>psbA-trnH intergenic spacer</i> .....	24
4	Hasil BLAST <i>Canarium vulgare</i> dengan sekuen ITS .....	25



## DAFTAR GAMBAR

Nomor Gambar	Judul Gambar	Halaman
1	Morfologi <i>Canarium vulgare</i> .....	5
2	Distribusi <i>Canarium vulgare</i> .....	6
3	Daerah sekuen <i>rbcL</i> pada cpDNA .....	8
4	Daerah sekuen <i>psbA-trnH intergenic spacer</i> pada cpDNA.....	9
5	Daerah sekuen ITS pada nDNA .....	9
6	Peta pengambilan sampel.....	11
7	Elektroforegram konfirmasi DNA <i>Canarium vulgare</i> hasil ekstraksi	19
8	Elektroforegram hasil amplifikasi <i>Canarium vulgare</i> .....	20
9	Dendrogram spesies <i>Canarium</i> berdasarkan sekuen <i>rbcL</i> .....	28
10	Dendrogram spesies <i>Canarium</i> sekuen berdasarkan <i>psbA-trnH intergenic spacer</i> .....	30
11	Dendrogram spesies <i>Canarium</i> sekuen ITS .....	31



## DAFTAR LAMPIRAN

	<b>Halaman</b>
Lampiran 1. Data <i>Contig</i> DNA <i>Canarium</i> .....	41
Lampiran 2. Kromatogram DNA Hasil Sekuensing .....	43
Lampiran 3. Grafik <i>Summary</i> Hasil BLAST di Basis Data NCBI .....	53
Lampiran 4. Hasil Penjajaran Sekuen Spesies-Spesies <i>Canarium</i> .....	54
Lampiran 5. Jarak Genetik DNA Spesies-Spesies <i>Canarium</i> .....	58



## ABSTRAK

### **DNA *Barcoding* Tumbuhan Kenari (*Canarium vulgare*) Koleksi Kebun Raya Bogor**

ESTER OKTAVIANA ISWURYANI

*Canarium vulgare* merupakan tumbuhan komersil yang tersebar di Indonesia dan memiliki nilai fungsional di bidang ekonomi ataupun ekologi. Tingginya pemanfaatan tanaman ini harus diimbangi dengan usaha konservasi, dan salah satu lembaga konservasi di Indonesia ialah Kebun Raya Bogor (KRB). Berbagai upaya konservasi dilakukan oleh KRB untuk *C. vulgare* antara lain dengan melakukan DNA *barcoding*. Tujuan dari penelitian ini yaitu analisis molekuler *Canarium vulgare* melalui *barcoding* menggunakan penanda genetik *rbcL*, *psbA-trnH* intergenice spacer, dan ITS. Penelitian dimulai dari ekstraksi DNA *C. vulgare*, dilanjutkan dengan amplifikasi dengan primer *rbcL*, *psbA-trnH* intergenice spacer, dan ITS, dilanjutkan sekuensing dan analisis pohon filogenetik. Hasil analisis filogenetik diketahui bahwa sekuen *rbcL*, *psbA-trnH* intergenice spacer dan ITS mampu mendeterminasi genus *Canarium* secara interspesies. Hasil penelitian memberi rekomendasi sekuen *rbcL* untuk identifikasi genetik spesies-spesies *Canarium*. Urutan nukleotida *C. vulgare* berdasar berbagai marker tersebut dapat menjadi salah satu metode konservasi *C. vulgare* pada tingkat molekuler.

**Kata kunci:** *Canarium vulgare*, DNA *barcoding*, tumbuhan terancam punah, nukleus, plastida

## **ABSTRACT**

### ***DNA Barcoding in Kenari Plant (*Canarium vulgare*) Collection of Bogor Botanic Garden***

ESTER OKTAVIANA ISWURYANI

*Canarium vulgare* is a commercial plant spread in Indonesia and has functional values in the economic or ecological. The high utilization of this plant must be balanced with conservation efforts, and one of the conservation institutions in Indonesia is the Kebun Raya Bogor (KRB). Various conservation efforts have been carried out by KRB for *C. vulgare*, among others, by performing DNA barcodes. The purpose of this study is the molecular analysis of *Canarium vulgare* through barcoding using the genetic marker *rbcL*, *psbA-trnH* intergenic spacer, and ITS. The research started from the extraction of *C. vulgare* DNA, followed by amplification with primers *rbcL*, *psbA-trnH* intergenic spacer, and ITS, then sequencing and phylogenetic tree analysis. The results of the phylogenetic analysis showed that the sequence of *rbcL*, *psbA-trnH* intergenic spacer, and ITS were able to determine the genus *Canarium* interspecies. This study provides recommendations for *rbcL* sequences for the genetic identification of *Canarium*. Based on this study, the nucleotide sequence of *C. vulgare* can be one of the conservations at the molecular level.

**Keywords:** *Canarium vulgare*, DNA barcode, an endangered plant, nuclear, plastid

# BAB I

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Indonesia adalah negara yang masuk sebagai 3 besar negara megabiodiversitas walaupun luas wilayahnya hanya sekitar 1,3% dari luas bumi. Hal tersebut menunjang Indonesia untuk memanfaatkan kekayaan biotanya dalam kebutuhan sehari-hari berupa kebutuhan sandang, pangan maupun papan. Menurut Leenhouts *et al.* (1955) terdapat 3 jenis spesies dari genus *Canarium* yang merupakan tumbuhan komersil yaitu *C. indicum*, *C. vulgare* dan *C. ovatum*. Tumbuhan tersebut mampu memproduksi biji kenari yang bernilai ekonomi tinggi. *Canarium vulgare* merupakan salah satu tumbuhan komersil yang tersebar dari Pulau Jawa hingga Pulau Solomon, selain itu *C. vulgare* merupakan tumbuhan endemik di Ambon (Lim, 2011). Bagian kayu dari *C. vulgare* dimanfaatkan sebagai bahan pembuatan perahu dan dayung di Bawean dan Kangean, Jawa Timur serta dimanfaatkan sebagai obat oleh masyarakat di Halmahera Utara. *Canarium vulgare* merupakan tumbuhan yang memiliki fungsi ekologi karena berfungsi sebagai tumbuhan peneduh untuk pohon pala atau pohon peneduh di pinggir jalan (Leenhouts *et al.*, 1955; Simanjutak *et al.*, 2016).

Populasi *C. vulgare* di alam saat ini relatif jarang tetapi tidak termasuk ke dalam spesies yang dilindungi. Tingginya pemanfaatan *C. vulgare* di Indonesia mampu memberikan potensi penurunan populasi *C. vulgare* di lingkungannya. Hingga saat ini metode budidaya *C. vulgare* yaitu dengan perbanyakan biji (Suprpto *et al.*, 2016). Rendahnya variasi pada metode budidaya *C. vulgare* serta pertumbuhannya yang lambat, maka dibutuhkan usaha konservasi. Hal tersebut disebabkan karena penurunan populasi *C. vulgare* dapat memberikan kerugian bagi lingkungan maupun makhluk hidup lainnya. Penurunan populasi tumbuhan akan meningkatkan *inbreeding* antar tumbuhan yang mengakibatkan terjadinya penurunan kemampuan adaptasi tumbuhan di lingkungan dan menurunkan kualitas

tumbuhan. Diperlukan usaha konservasi untuk menjaga eksistensi *C. vulgare* di lingkungan dan mencegah terjadinya penurunan kualitas *C. vulgare*.

Usaha konservasi tersebut dapat dilakukan secara *in situ* atau secara *ex situ*. Salah satu lembaga konservasi *ex situ* Indonesia yaitu Kebun Raya Bogor (KRB) yang berperan penting sebagai tempat perlindungan terakhir untuk menyelamatkan koleksi flora di Indonesia terutama yang berstatus terancam punah. Selain itu KRB memiliki lima fungsi utama yaitu sebagai kawasan konservasi, penelitian, pendidikan, ekowisata dan jasa lingkungan (Ariati & Widyatmoko, 2019). Salah satu usaha konservasi yang dilakukan di KRB yaitu konservasi pada tingkat molekuler. DNA *barcoding* merupakan salah satu metode konservasi pada tingkat molekuler dengan cara identifikasi genetik suatu tumbuhan. DNA *barcoding* dinilai bersifat lebih efektif, akurat dan stabil dibandingkan dengan identifikasi morfologi atau biokimia dalam taksonomi dan filogenetik tumbuhan karena dalam DNA *barcoding* digunakan sekuen potongan DNA pendek yang sudah terstandar (Mehle & Trdan, 2012).

Menurut CBOL (2009) pada DNA *barcoding* tumbuhan dapat digunakan beberapa jenis gen yaitu gen yang berasal dari bagian genom inti sel tumbuhan seperti ITS (*Internal Transcribed Spcaer*) atau gen dari bagian kloroplas tumbuhan seperti *rbcL* (*ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase oxygenase*) atau *psbA-trnH intergenic spacer*. Proses DNA *barcoding* tumbuhan *Canarium vulgare* dapat menggunakan sekuen dari gen-gen tersebut sehingga dapat dilakukan analisis sekuen DNA dari *C. vulgare*. Penggunaan sekuen *rbcL*, *psbA-trnH* dan ITS dalam proses DNA *barcoding* karena sekuen tersebut memiliki variasi karakter gen yang tinggi dan mudah untuk teramplifikasi sehingga perbedaan tumbuhan antar taksa yang berdekatan dapat dibedakan.

## **1.2 Rumusan Masalah**

Kajian tentang *C. vulgare* yang ada saat ini masih tergolong sedikit menyebabkan terbatasnya data *C. vulgare* di basis data NCBI. *Canarium vulgare* tersebar luar di Indonesia serta memiliki peranan di bidang ekonomi dan ekologi. Saat ini keberadaan *C. vulgare* di lingkungan mulai mengalami penurunan akibat pemanfaatan jangka panjang. Pembentukan strategi konservasi pada tingkat



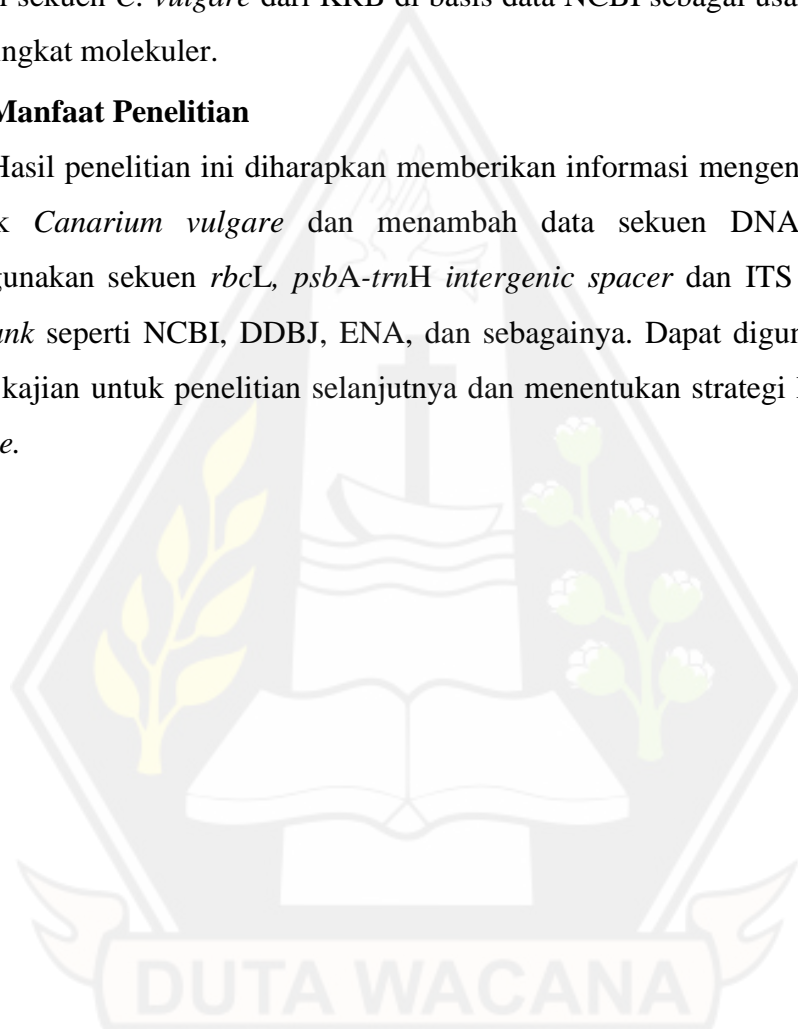
molekuler merupakan salah satu langkah preventif menjaga keberadaan *C. vulgare* di lingkungan.

### **1.3 Tujuan Penelitian**

Tujuan penelitian ini yaitu untuk analisis sekuen DNA *C. vulgare* yang diuji menggunakan sekuen *rbcL*, *psbA-trnH intergenic spacer* dan ITS serta menambah koleksi sekuen *C. vulgare* dari KRB di basis data NCBI sebagai usaha konservasi pada tingkat molekuler.

### **1.4 Manfaat Penelitian**

Hasil penelitian ini diharapkan memberikan informasi mengenai keragaman genetik *Canarium vulgare* dan menambah data sekuen DNA *C. vulgare* menggunakan sekuen *rbcL*, *psbA-trnH intergenic spacer* dan ITS di basis data *GenBank* seperti NCBI, DDBJ, ENA, dan sebagainya. Dapat digunakan sebagai bahan kajian untuk penelitian selanjutnya dan menentukan strategi konservasi *C. vulgare*.



## BAB V

### SIMPULAN DAN SARAN

#### 5.1 Simpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan memberikan informasi bahwa sekuen *rbcL*, *psbA-trnH intergenic spacer* dan ITS mampu mendeterminasi genus *Canarium* secara interspesies. Direkomendasikan sekuen *rbcL* untuk identifikasi genetik pada genus *Canarium*. Hasil penelitian ini dapat memberikan informasi pelengkap pada basis data NCBI sebagai salah satu upaya konservasi *C. vulgare* pada tingkat molekuler.

#### 5.2 Saran

Diperlukan pengujian sekuen DNA *C. vulgare* dengan berbagai primer agar diperoleh *barcode* DNA potensial, sehingga hasil sekuensing dan analisis filogenetik dari DNA *C. vulgare* lebih maksimal. Terbatasnya data genus *Canarium* pada sekuen ITS menyebabkan analisis filogenetik tidak representatif. Selain itu, pada analisis filogenetik dapat digunakan pendekatan berupa *multilocus*. Pendekatan *multilocus* dinilai lebih efektif untuk identifikasi dan verifikasi DNA dan mampu melengkapi hasil analisis pada lokus sekuen tunggal.

## DAFTAR PUSTAKA

- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403-410.
- Anzani, A. N., Martiansyah, I., & Yuliani, N. (2021). *Studi in silico* DNA barcoding pada bunga soka (Ixora). In *Prosiding Seminar Nasional Biologi*; Vol. 7, No. 1, pp. 168-177.
- Apriyani, S. I. (2005). *Analisis Keragaman Nenas Koleksi PKBT Berdasarkan Penanda Morfologi dan Penanda RAPD*. Bogor: IPB Press.
- Ariati, S. R., & Widyatmoko, D. (2019). Bogor Botanic Gardens. *Sibbaldia: The International Journal of Botanic Garden Horticulture*, (17), 11-28.
- Articus, K. (2004). Neuropogon and the phylogeny of Usnea (*Parmeliaceae*, Lichenized Ascomycetes). *Taxon*, 53(4), 925-934.
- Bagus, W. I., Wirawan, I. G. P., & Adiartayasa, I. W. (2019). Analisis homologi fragmen DNA CVPDr dari jeruk kinkit *Trophasia trifolia* menggunakan BLAST Protein dan BLAST Nukleotida. *Jurnal Agroekoteknologi Tropika ISSN, 2301*, 6515.
- Bhattacharjee, M. J., Laskar, B. A., Dhar, B., & Ghosh, S. K. (2012). Identification and re-evaluation of freshwater catfishes through DNA barcoding. *PloS one*, 7(11), e49950.
- Bolson, M., Smidt, E. D. C., Brotto, M. L., & Silva-Pereira, V. (2015). ITS and *trnH-psbA* as efficient DNA barcodes to identify threatened commercial woody angiosperms from southern Brazilian Atlantic rainforests. *PloS one*, 10(12), e0143049.
- Campbell, Reece & Mitchell L. (2008). *Biologi*. Edisi Kedelapan Jilid 1. Jakarta: Erlangga.
- Canarium vulgare* Leenh. in GBIF Secretariat (2021). GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei> accessed via GBIF.org on 2022-02-03.
- CBOL Plant Working Group. (2009). A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106 (31), 12794-12797.
- Chase, M. W., Salamin, N., Wilkinson, M., Dunwell, J. M., Kesanakurthi, R. P., Haidar, N., & Savolainen, V. (2005). Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1889-1895.
- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J., Shi, L., & Leon, C. (2010). Validation of the ITS2 sequence as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PloS one*, 5(1), e8613. doi: 10.1371/journal.pone.0008613
- Cheng, T., Xu, C., Lei, L., Li, C., Zhang, Y., & Zhou, S. (2015). Barcoding the kingdom Plantae: new PCR primers for ITS sequence of plants with improved universality and specificity. *Molecular Ecology Resources*, 16(1), 138-149. doi:10.1111/1755-0998.12438.

- Cohen, I. M. (2011). Testing the utility of the Consortium for the Barcoding of Life's two 'agreed upon' plant DNA barcodes, *matK* and *rbcL*. [Doctoral dissertation]. Chattanooga: The University of Tennessee.
- Cummings, M. P., Nugent, J. M., Olmstead, R. G., & Palmer, J. D. (2003). Phylogenetic analysis reveals five independent transfers of the chloroplast gene *rbcL* to the mitochondrial genome in angiosperms. *Current Genetics*, *43*(2), 131-138.
- Darmawan, H. Z. & Fitmawati. (2021). Analisis Filogenetik Tiga Kultivar Salak Di Daerah Aceh Berdasarkan Penanda *rbcL* Menggunakan Metode *Neighbor Joining*. [Skripsi]. Pekanbaru: Universitas Riau.
- De Groot, G. A., During, H. J., Maas, J. W., Schneider, H., Vogel, J. C., & Erkens, R. H. (2011). Use of *rbcL* and *trnL-F* as a two-locus DNA barcode for identification of NW-European ferns: an ecological perspective. *PLoS one*, *6*(1), e16371.
- Degtjareva, G. V., Logacheva, M. D., Samigullin, T. H., Terentieva, E. I., & Valiejo-Roman, C. M. (2012). Organization of chloroplast *psbA-trnH* intergenic spacer in dicotyledonous angiosperms of the family umbelliferae. *Biochemistry (Moscow)*, *77*(9), 1056-1064.
- Dewi, C. L. H., Artika, I. M & Ardiyani, M. (2012). Analisis Biomolekuler Gen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dalam Studi Filogenetik *Zingiber loerzingii* Valetton (Zingiberaceae). [Thesis]. Bogor: IPB.
- Dharmayanti, I. (2011). Filogenetik Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *WARTAZOA*, *21*(1), 1-10.
- Dinh, T. P., Vũ, T. T. H., & Hoàng, T. L. (2018). Đa dạng Nucleotide vùng ITS gen nhân và các gen lục lạp (*matK*, *rbcL*, *rpoC1*) loài trầm đen (*Canarium Nigrum*) ở một số tỉnh phía bắc, Việt Nam.
- Du, Z. Y., Qimike, A., Yang, C. F., Chen, J. M., & Wang, Q. F. (2011). Testing four barcoding markers for species identification of Potamogetonaceae. *Journal of Systematics and Evolution*, *49*(3), 246-251.
- Fazekas, A. J., Burgess, K. S., Kesanakurti, P. R., Graham, S. W., Newmaster, S. G., Husband, B. C. & Barrett, S. C. (2008). Multiple multilocus DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well. *PloS One*, *3*(7), e2802.
- Fouquet, A., Gilles, A., Vences, M., Marty, C., Blanc, M., & Gemmel, N. J. (2007). Underestimation of species richness in Neotropical frogs revealed by mtDNA analyses. *PLoS one*, *2*(10), e1109.
- Gonzalez, M. A., Baraloto, C., Engel, J., Mori, S. A., Pétronelli, P., Riéra, B., & Chave, J. (2009). Identification of Amazonian trees with DNA barcodes. *PLoS One*, *4*(10), e7483.
- Gostel, M. R., Phillipson, P. B., & Weeks, A. (2016). Phylogenetic reconstruction of the Myrrh genus, *Commiphora* (Burseraceae), reveals multiple radiations in Madagascar and clarifies infrageneric relationships. *Systematic Botany*, *41*(1), 67-81.
- Hariiri, M. R., Peniwidiyanti, P., Irsyam, A. S. D., Irwanto, R. R., Martiansyah, I., Kusnadi, K., & Yuhaeni, E. (2021). Molecular Identification and

- Morphological Characterization of *Ficus* sp. (Moraceae) in Bogor Botanic Gardens. *Jurnal Biodjati*, 6(1), 36-44.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Hidayat, T. dan A. Pancoro. (2001). Studi Filogenetik Molekuler Anacardiaceae Berdasarkan pada Variasi Urutan Daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS), *Hayati*, 8, 98-101.
- Hidayat, T., Kusumawaty, D., Kusdianti, K., Yati, D. D., Muchtar, A. A., & Mariana, D. (2009). Analisis filogenetik molekuler pada *Phyllanthus niruri* L. (Euphorbiaceae) menggunakan urutan basa DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS). *Jurnal Matematika & Sains*, 13(1), 16-21.
- Hillis, D. M., C. Moritz, and B. K. Mable. (1996). *Molecular Systematic*, 2<sup>nd</sup> ed. Massachusetts: Sinauer Associates Inc.
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2011). Choosing and using a plant DNA barcode. *PloS one*, 6(5), e19254.
- Husaini, I. P. A., Mulyani, M., Hariri, M. R., & Damayanti, I. (2020). Identifikasi Dini Jenis-Jenis *Phyllanthus* Secara *in Silico*. In: National Seminar on Biodiversity and Indonesian Tropical Ecology & International Wildlife Symposium. Padang, 20-21 September 2019. [Indonesia]
- iNaturalist. (2021). *Canarium vulgare*. <http://portugal.inaturalist.org/taxa/345572-Canarium-vulgare>. Diakses pada 4 Oktober 2021.
- Irmawati. (2003). Perubahan Keragaman Genetik Ikan Kerapu Tikus Generasi Pertama Pada Stok Hatchery. *Thesis*. Bogor: IPB.
- 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.
- Kennedy, J., & Clarke, W. C. (2004). *Cultivated landscapes of the Southwest Pacific*. Resource Management in Asia-Pacific Project, Australian National University.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111-120.
- Kress W. J., & Erickson D. L. (2007). A two-locus global DNA barcode for land plant: the coding *rbcL* gene complement the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *Plos One* 2: e50.
- 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.
- \_\_\_\_\_, W.J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D.L. (2015). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 30(1), 25–35.doi.org/10.1016/j.tree.2014.10.008.
- \_\_\_\_\_, W. J. (2017). Plant DNA barcodes: Applications today and in the future. *Journal of systematics and evolution*, 55(4), 291-307.
- Leenhouts, P. W., Kalkman, C., & Lam, H. J. (1955). Burseraceae. *Flora Malesiana-Series 1, Spermatophyta*, 5(1), 209-296.

- Lim, T. K. (2011). *Canarium vulgare*. *Edible Medicinal and Non-Medicinal Plants*, 630–632. doi:10.1007/978-90-481-8661-7\_87.
- 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.
- Masiero, E., Banik, D., Abson, J., Greene, P., Slater, A., & Sgamma, T. (2020). Molecular Verification of the UK National Collection of Cultivated Liriope and Ophiopogon Plants. *Plants*, 9(5), 558.
- Mehle, N., & Trdan, S. (2012). Traditional and modern methods for the identification of thrips (Thysanoptera) species. *Journal of Pest Science*, 85(2), 179-190.
- Mulyani, M., Husaini, I. P. A., Hariri, M. R., & Damayanti, I. (2020). Efektivitas Identifikasi Jenis Melalui DNA Barcoding: Studi Kasus Pada Marga Dendrobium. In *Prosiding Semninar Nasional Biologi dan Ekologi Tropika Indonesia (Semnas Bioeti)*, 5(3), 35-45.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283-292.
- Nei, M., & Li, W. H. (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. vol. 76(10): 5269–5273.
- Nuraida, D. (2012). Pemilihan Bagian Tanaman Kapas *Gossypium hirsutum* Sebagai Bahan Untuk Isolasi DNA. In *Prosiding Seminar Biologi*, 9(1).
- Pang, X., Liu, C., Shi, L., Liu, R., Liang, D., Li, H., Cherny, S.S., & Chen, S. (2012). Utility of the *trnH-psbA* intergenic spacer sekuen and its combinations as plant DNA barcodes: A meta-analysis. *Plos One*, 7(11), 1–9.
- Patel, A., Chaudhary, S., Syed, B. A., Gami, B., Patel, P., & Patel, B. (2018). *rbcL* marker-based approach for molecular identification of *Arthrospira* and *Dunaliella* isolates from non-axenic cultures. *J. Genet. Genet. Eng*, 2, 24-34.
- Pereira, F., Amorim, A., & van Asch, B. (2013). Genetic and DNA-based techniques. In *Comprehensive Analytical Chemistry*, Vol. 60, pp. 195-220.
- Phoolcharoen, W., & Sukrong, S. (2013). Molecular analysis of *Vitex* species using candidate DNA barcoding and PCR-RFLP of the *matK* gene for authentication of *Vitex glabrata*. *Natural product communications*, 8(1).
- Pierce, B. A. (2012). *Genetics: a conceptual approach*. New York: Macmillan Learning.
- Pooma, R. (1999). A preliminary account of Burseraceae in Thailand. *Thai Forest Bulletin (Botany)*, (27), 53-82.
- Prana T.K., N.S. Hartati. (2003). Identifikasi Sidik Jari DNA Talas (*C. esculata* L. Schoot) Indonesia dengan Teknik RAPD. *Jurnal Natur Indonesia* 5(2):107-112.
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. J. M. E. (2012). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*, 21(8), 1864-1877.
- Purty, R. S., & Chatterjee, S. (2016). DNA barcoding: an effective technique in molecular taxonomy. *Austin J Biotechnol Bioeng*, 3(1), 1059.

- Qing, C. R. (2005). Analysis of Genetic Diversity of Chinese White Olive (*Canarium Album*) in Fujian Province Using 18S-26SrDNA-PCR-ITS. [Thesis]. Cina: Fujian Agriculture and Forestry University.
- Rahman, H. R., Anggadiredja, K., Gusdinar, T., Sitompul, J. P., & Ryadin, A. R. (2019). Kajian komposisi kimia, nilai nutrisi, dan etnofarmakologis tanaman genus kenari. *Jurnal Fitofarmaka Indonesia*, 6(1), 325-333.
- Rahayu, S., & Handayani, S. (2011). Keragaman Genetik Pandan Asal Jawa Barat Berdasarkan Penanda *Inter Simple Sequence Repeat*. *Makara Journal of Science, North America*, 14 Juni. 2011. Available at: <http://journal.ui.ac.id/index.php/science/article/view/742>.
- Rahayu, D. A., & Jannah, M. (2019). *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Jakarta: Yayasan Inspirasi Ide Berdaya.
- Rashid, N. A. H. A., Shamsudin, R., Arifin, S. H., & Abdullah, W. N. Z. Z. (2021). Morphological and quality characteristics of genus *Canarium* L.: A review. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 733(1).
- Retnaningati, D. (2021). Optimasi Metode Ekstraksi DNA pada Melon (*Cucumis melo* L.) Berdasarkan Suhu, Lama Inkubasi, dan Kondisi Daun. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*, 5(2), 109-114.
- Roslim, D. I. (2019). Analysis of *matK*, *rbcL* and *trnL-trnF Intergenic Spacer* Sequences on Durik-Durik (*Syzygium* sp). In *Journal of Physics: Conference Series* (Vol. 1351, No. 1, p. 012023). IOP Publishing.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406-425.
- Sambrook J., Fritsch, E. F., & Maniatis, T. (1989). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* 2<sup>nd</sup> Ed. USA: Colud Spring Harbour Laboratory Press.
- Sari, V. K., & Murti, R. H. (2015). An effective method for DNA extraction of mature leaf of sapodilla (*Manilkara zapota* (L.) van Royen). *AGRIVITA, Journal of Agricultural Science*, 37(1), 18-23.
- 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.
- Settanni, L., Valmorri, S., van Sinderen, D., Suzzi, G., Paparella, A., & Corsetti, A. (2006). Combination of multiplex PCR and PCR-denaturing gradient gel electrophoresis for monitoring common sourdough-associated *Lactobacillus* species. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(5), 3793-3796.
- Singh, P. K., Singh, P., Singh, R. P., & Singh, R. L. (2021). From gene to genomics: tools for improvement of animals. In *Advances in Animal Genomics* (pp. 13-32). Academic Press.
- Shabrina, H., Siregar, U. J., Matra, D. D., & Siregar, I. Z. (2020). Konfirmasi Jenis dan Keragaman Genetik Sengon Resisten dan Rentan Infeksi Karat Tumor Menggunakan Penanda DNA Kloroplas. *Jurnal Penelitian Hutan Tanaman*, 17(2), 117-130.
- Simanjuntak, R., Zuhud, E. A., & Hikmat, A. (2015). Etnobotani masyarakat O Hongana Ma Nyawa di Desa Wangongira, Kabupaten Halmahera Utara. *Media Konservasi*, 20(3).

- Sitepu, A. F., Bayu, E. S., & Siregar, L. A. M. (2019). Analysis of PCR Amplification of Date Palm (*Phoenix dactylifera* L.) Genotypes Based on RAPD Primers. *Jurnal Online Agroekoteknologi*, 7(3), 502-507.
- Small, R. L., Lickey, E. B., Shaw, J., & Hauk, W. D. (2005). Amplification of noncoding chloroplast DNA for phylogenetic studies in lycophytes and monilophytes with a comparative example of relative phylogenetic utility from Ophioglossaceae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 36(3), 509-522.
- Sogandi, S. (2018). *Biologi Molekuler: Identifikasi Bakteri Secara Molekuler*. Jakarta: Universitas 17 Agustus 1945 Jakarta.
- Su'udi, M., Sindiya, V., Luluk, M., Siti, R. & Perwitasari, D. (2018). *Studi in silico* potensi DNA barcode pada angrek langka Paphiopedilum. *BIOSFER: Jurnal Biologi dan Pendidikan Biologi*, 3(1), 20-26.
- Soltis, P. S., & Soltis, D. E. (1995). Plant molecular systematics. *Evolutionary Biology*, 139-194.
- Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddell, P.J. and Hillis, D.M. (1996) Phylogenetic Inference. In: Hillis, D.M., Moritz, C. and Mable, B.K., Eds., *Molecular Systematics, 2nd Edition*. Sunderland (MA): Sinauer Associates, (407-514).
- Starr, J. R., Naczi, R. F., & Chouinard, B. N. (2009). Plant DNA barcodes and species resolution in sedges (*Carex*, *Cyperaceae*). *Molecular Ecology resources*, 9, 151-163.
- Štorchová, H., & Olson, M. S. (2007). The architecture of the chloroplast *psbA-trnH* non-coding sekuen in angiosperms. *Plant Systematics and Evolution*, 268(1), 235-256.
- Sun Y, Skinner DZ, Liang GH, Hulbert SH. (1994). Phylogenetic analysis of sorghum and related taxa using Internal Transcribed Spacer of nuclear ribosomal DNA. *Theor Appl Gen* 89:26-32.
- Suprpto, A., Solihah, S. M., Yuzammi & Muhammad, B. A. (2016). *Koleksi Kebun Raya Puncak: Tumbuhan Bernilai Ekonomi*. Jakarta: LIPI Press.
- Utomo, A. W., & Kusuma, W. A. (2014). Penjajaran Global Sekuen DNA Menggunakan Algoritma Needleman-Wunsch. In Seminar Nasional dan Rapat Tahunan Bidang MIPA.
- Wahab, M.A., Sundari., & Suparman. (2014). Kajian Kekerabatan Filogenetik Durian (*Durio zibethinus*) Varietas Lokal Ternate Berdasarkan Karakter Morfologi. *Jurnal Bioedukasi* 2(2), 230-237.
- Weeks, A., & Simpson, B. B. (2004). Molecular genetic evidence for interspecific hybridization among endemic *Hispaniolan bursera* (Burseraceae). *American Journal of Botany*, 91(6), 976-984.
- Weeks, A., Daly, D. C., & Simpson, B. B. (2005). The phylogenetic history and biogeography of the frankincense and myrrh family (Burseraceae) based on nuclear and chloroplast sequence data. *Molecular phylogenetics and evolution*, 35(1), 85-101.
- Wheeler D, Bhagwat M. (2007). BLAST QuickStart: Example-Driven Web-Based BLAST Tutorial. *Comparative Genomics*, 1(2), 9.