

**HUBUNGAN KEKERABATAN FILOGENETIK TANAMAN
KUNGKIL DAN MATOA (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst)
BERDASARKAN SEKUEN ITS rDNA**

SKRIPSI

Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana di Jurusan
Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Oleh:

SALWA GHANIYU USMAN

08041182126017



**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS SRIWIJAYA**

2025

HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Hubungan Kekerabatan Filogenetik Tanaman
Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R & G.
Forst.) Berdasarkan Sekuen ITS rDNA
Nama Mahasiswa : Salwa Ghaniyu Usman
NIM : 08041182126017
Jurusan : Biologi

Telah disidangkan pada tanggal 14 Maret 2025.

Indralaya, Maret 2025

Pembimbing :

1. Dr. Laila Hanum, M. Si
NIP. 197308311998022001

()

HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Hubungan Kekerabatan Filogenetik Tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R & G. Forst.) Berdasarkan Sekuen ITS rDNA

Nama Mahasiswa : Salwa Ghaniyu Usman


NIM : 08041182126017

Telah dipertahankan di hadapan Panitia Sidang Ujian Skripsi Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada 14 Maret 2025 dan telah diperbaiki, diperiksa serta disetujui sesuai dengan masukan yang diberikan.

Indralaya, Maret 2025

Pembimbing :

1. Dr. Laila Hanum, M. Si.
NIP. 197308311998022001


(.....)

Penguji :

1. Dra. Muharni, M. Si.
NIP. 196306031992032001


(.....)

2. Dr. Elisa Nurmawati, M. Si.
NIP. 197504272000122001


(.....)

Mengetahui,
Ketua Jurusan Biologi
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Sriwijaya



Dr. Laila Hanum, M.Si.
NIP.197308311998022001

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH

Yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama : Salwa Ghaniyu Usman
NIM : 08041182126017
Fakultas/Jurusan : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam/Biologi

Menyatakan bahwa skripsi ini merupakan hasil karya saya sendiri dan karya ilmiah ini belum pernah diajukan sebagai permohonan untuk memperoleh gelar kesarjanaan srata satu (SI) dari Universitas Sriwijaya maupun perguruan tinggi lain.

Semua informasi yang dimuat dalam skripsi ini yang berasal dari penulis lain baik yang dipublikasikan atau tidak telah diberi penghargaan dengan mengutip nama sumber penulis secara benar. Semua isi dari skripsi ini sepenuhnya menjadi tanggung jawab saya sebagai penulis.

Demikianlah surat pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.

Indralaya, Maret 2025

Penulis,



Salwa Ghaniyu Usman
NIM. 08041182126017

HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS

Sebagai civitas akademik Universitas Sriwijaya, yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama Mahasiswa : Salwa Ghaniyu Usman
NIM : 08041182126017
Fakultas/Jurusan : MIPA/Biologi
Jenis Karya : Skripsi

Demi pengembangan ilmu pengetahuan, saya menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Sriwijaya "Hak bebas royalti non-eksklusif (*non-exclusively royalty-free right*)" atas karya ilmiah saya yang berjudul:

"Hubungan Kekerabatan Filogenetik Tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R & G. Forst.) Berdasarkan Sekuen ITS rDNA"

Dengan hak bebas royalti non-eksklusif ini Universitas Sriwijaya berhak menyimpan, mengalih media/memformatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat dan mempublikasikan tugas akhir atau skripsi saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/ pencipta dan sebagai pemilik hak cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sesungguhnya

Indralaya, Maret 2025



Salwa Ghaniyu Usman
NIM. 08041182126017

HALAMAN PERSEMBAHAN

Kupersembahkan skripsi ini untuk:

- ◇ *Allah SWT Atas Segala Rahmat, Nikmat dan Karunia-Nya*
- ◇ *Rasulullah Muhammad SAW, sang suri teladan yang sempurna dalam kehidupan*
- ◇ *Ibunda tercinta yang telah mendoakan, mendukung, dan menjadi alasanku bertahan*
- ◇ *Dosen Pembimbing, Dr. Laila Hanum, M. Si yang telah sabar dan pengertian dalam proses penulisan skripsi*
- ◇ *Semua pihak yang terlibat dalam prosesku*
- ◇ *Diriku Sendiri*

MOTTO

**“Angin tidak berhembus untuk menggoyangkan pepohonan,
melainkan menguji kekuatan akarnya”**

- Ali bin Abi Thalib

“Karena sesungguhnya sesudah kesulitan itu ada kemudahan”

(Q.S Al-Insyirah: 5)

KATA PENGANTAR

Puji Syukur atas kehadiran Allah SWT yang telah memberikan Rahmat dan karunia-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi ini yang berjudul **“Hubungan Kekerabatan Filogenetik Tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R & G. Forst.) Berdasarkan Sekuen ITS rDNA”** sebagai syarat untuk mencapai gelar Sarjana Sains di Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.

Penulisan skripsi ini tidak akan dapat terselesaikan dengan baik tanpa adanya bantuan, motivasi serta semangat dari berbagai pihak. Penulis mengucapkan terimakasih kepada Ibunda tercinta atas segala doa, pengorbanan, kasih sayang, kerja keras, motivasi serta didikannya selama ini. Terimakasih banyak kepada Ibu Dr. Laila Hanum, M. Si. selaku dosen pembimbing yang telah banyak meluangkan waktu dan tenaga untuk memberikan arahan, saran, dan nasihat kepada penulis demi kelancaran dalam penulisan skripsi ini serta kepada Ibu Dra. Muharni, M. Si dan Ibu Dr. Elisa Nurnawati, M. Si. selaku dosen pembahas yang telah mengarahkan serta memberi saran kepada penulis dalam penulisan skripsi ini. Penulis juga mengucapkan rasa terimakasih kepada:

1. Prof. Dr. Taufiq Marwa, SE., M. Si. selaku Rektor Universitas Sriwijaya.
2. Prof. Hermansyah, S. Si., M. Si., Ph. D. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya,
3. Dr. Laila Hanum, M. Si. selaku Ketua Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.
4. Dr. Elisa Nurnawati, M. Si. selaku Sekertaris Jurusan Biologi Fakultas

Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.

5. Prof. Dr. Hilda Zulkifli, M. Si. DEA selaku Dosen Pembimbing Akademik yang telah memberikan bimbingan dan nasihat selama proses perkuliahan.
6. Kak Agus Wahyudi, S. Si. selaku analis Laboratorium Genetika dan Bioteknologi yang telah senantiasa membantu dan membimbing penulis selama melakukan penelitian tugas akhir.
7. Seluruh Dosen dan Staff Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya.
8. Ibunda yang telah ikut berjuang, mendoakan, memberikan semangat, motivasi, memberi saran dan masukan kepada penulis.
9. Saudara terkasih yang telah mendoakan, membantu, dan selalu mendukung penulis selama proses perkuliahan.
10. Kak Andi dan Kak Bambang yang telah banyak membantu proses administrasi selama perkuliahan dan penelitian.
11. Sahabat seperjuangan Aulin, Lissa, Melanie, Alya, Rizka, Muthia, Alam, dan Pandes yang telah saling berbagi informasi, menemani, dan memberikan semangat kepada penulis sedari SMA hingga saat ini.
12. Tim Kungkil (Sandra dan Rosa) yang telah bekerja sama selama penyusunan skripsi dan Carissa yang telah menemani penulis selama proses perkuliahan.
13. Seseorang yang telah selalu menemani, memberi semangat, dan mendukung penulis selama proses penulisan skripsi ini hingga sekarang.

14. Kepada diri sendiri yang telah bertahan dan berjuang selama ini, terima kasih.
15. Teman-teman Biologi Angkatan 2021.
16. Serta seluruh pihak yang tidak dapat disebutkan satu persatu.

Semoga Allah SWT selalu memberikan limpahan ramhat dan karunia-Nya serta membalas segala amal kebaikan kepada pihak-pihak yang telah terlibat dalam penyusunan skripsi ini. Harapan penulis, semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi pembaca dan khususnya bagi penulis sendiri.

Indralaya, Maret 2025



Salwa Ghaniyu Usman
NIM. 08041182126017

PHYLOGENETIC RELATIONSHIP OF KUNGKIL AND MATOA PLANTS (Pometia pinnata J.R.& G.Forst) BASED ON ITS rDNA SEQUENCES

Salwa Ghaniyu Usman

08041182126017

ABSTRACT

Matoa (Pometia pinnata J.R.& G.Forst) is a plant from the Sapindaceae family with high genetic variation due to natural cross-pollination. This study aims to analyze the genetic variation and phylogenetic relationships between Kungkil and several Matoa variants (Red Matoa, Yellow Matoa, and Green Matoa) based on Internal Transcribed Spacer (ITS) rDNA sequences. The methods used include DNA isolation, quantitative and qualitative testing, DNA amplification using PCR, DNA sequencing, and phylogenetic analysis using BioEdit and MEGA 11 software. The results showed genetic variation in the ITS rDNA region with mutations at 35 points, consisting of 12 transversion mutations, 17 transition mutations, and 6 deletion mutations. Phylogenetic tree reconstruction revealed that Red Matoa, Yellow Matoa, and Green Matoa clustered together with Pometia pinnata voucher Chase 2135, while Kungkil was in the same cluster as Pometia pinnata voucher A4659. These findings indicate that Kungkil has genetic differences from other Matoa variants. This study provides valuable genetic information for the conservation and breeding of Matoa plants in South Sumatra. Further studies using additional molecular approaches are recommended to enrich the available genetic data.

Keywords: *Pometia pinnata, Kungkil, ITS rDNA, phylogenetics relationship.*

HUBUNGAN KEKERABATAN TANAMAN KUNGKIL DAN MATOA (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst) BERDASARKAN SEKUEN ITS rDNA

Salwa Ghaniyu Usman

08041182126017

ABSTRAK

Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst) merupakan tanaman dari famili Sapindaceae yang memiliki variasi genetik tinggi akibat penyerbukan silang alami. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genetik dan hubungan filogenetik antara tanaman Kungkil dan beberapa varian Matoa (Matoa Merah, Matoa Kuning, dan Matoa Hijau) berdasarkan sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) rDNA. Metode yang digunakan meliputi isolasi DNA, uji kuantitatif dan kualitatif, amplifikasi DNA menggunakan PCR, sekuensing DNA, serta analisis filogenetik menggunakan perangkat lunak BioEdit dan MEGA 11. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat variasi genetik pada daerah ITS rDNA dengan mutasi di 35 titik, terdiri dari 12 mutasi transversal, 17 mutasi transisi, dan 6 mutasi delesi. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa Matoa Merah, Matoa Kuning, dan Matoa Hijau berada dalam satu kluster dengan *Pometia pinnata voucher Chase 2135*, sedangkan tanaman Kungkil berada dalam kluster yang sama dengan *Pometia pinnata voucher A4659*. Hasil ini menunjukkan bahwa tanaman Kungkil memiliki perbedaan genetik dengan varian Matoa lainnya. Penelitian ini memberikan informasi genetik untuk konservasi dan pemuliaan tanaman Matoa di Sumatera Selatan. Studi lanjutan dengan pendekatan molekuler lainnya direkomendasikan untuk memperkaya data genetik yang tersedia.

Kata kunci: *Pometia pinnata*, kungkil, ITS rDNA, hubungan kekerabatan filogenetik

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL	
HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI	i
HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI.....	ii
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN ILMIAN	iii
HALAMAN PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS.....	iv
HALAMAN PERSEMBAHAN	v
KATA PENGANTAR.....	vi
ABSTRACT	ix
ABSTRAK	x
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR GAMBAR.....	xiii
DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	5
2.1 Matoi.....	5
2.2 Variasi Genetik.....	6
2.3 <i>Internal Transcribed Spacer</i> (ITS) rDNA.....	7
2.4 Hubungan Kekerabatan	9
2.4.1 Fenetik.....	9
2.4.2 Filogenetik.....	10
BAB III METODE PENELITIAN	12

3.1 Waktu dan Tempat	12
3.2 Alat dan Bahan	12
3.3 Cara Kerja	13
3.3.1 Pengambilan Sampel	13
3.3.2 Isolasi DNA	13
3.3.3 Uji Kuanlitas DNA	14
3.3.4 Amplifikasi DNA	15
3.3.5 Elektroforesis DNA	16
3.3.6 Sekuensing DNA	17
3.3.7 Analisis Data	17
3.3.8 Penyajian Data	18
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	19
4.1 Hasil Isolasi DNA	19
4.2 Hasil Amplifikasi DNA	20
4.3 Hasil BLAST	22
4.4 Hasil <i>Alignment</i> DNA	24
4.5 Rekonstruksi Pohon Filogenetik	25
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	35
DAFTAR PUSTAKA	36
LAMPIRAN	42

DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 1 <i>Pometia pinnata</i> J.R.& G. Forst.....	6
Gambar 2 Peta sekuen ITS rDNA.....	8
Gambar 3 Elektroforegram hasil isolasi DNA tanaman kungkil dan matoa.....	19
Gambar 4 Elektroforegram hasil amplifikasi DNA tanaman kungkil dan matoa ..	21
Gambar 5 Pohon Filogenetik berdasarkan sekuen ITS rDNA kungkil, matoa merah, kuning, hijau, dan sampel <i>Pometia pinnata</i> pada GenBank.....	32

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 1 Data sampel yang digunakan untuk penelitian	14
Tabel 2 Primer sekuen ITS rDNA.....	17
Tabel 3 Tahapan dan siklus amplifikasi.....	17
Tabel 4 Uji kuantitatif hasil isolasi DNA.....	20
Tabel 5 Ukuran daerah ITS kungkil, matoa merah, kuning, dan hijau	23
Tabel 6 Hasil BLAST sekuen ITS rDNA sampel kungkil dan matoa	25
Tabel 7 Hasil <i>alignment</i> sekuen kungkil, matoa merah, matoa kuning, dan matoa hijau, OK052934.1, EU720471.1	27
Tabel 8 Mutasi yang terjadi pada berdasarkan hasil alignment pada ITS sampel kungkil, matoa merah, matoa kuning, dan matoa hijau	29
Tabel 9 Jarak genetik kungkil, matoa merah, kuning, dan hijau.....	31

DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1 Hasil uji kuantitatif isolasi	42
Lampiran 2 Elektroforegram.....	42
Lampiran 3 Hasil BLAST	43
Lampiran 4 Hasil alignment.....	44
Lampiran 5 Pohon filogenetik.....	45

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia diakui sebagai negara dengan biodiversitas yang sangat beragam. Di antara kekayaan Indonesia, tanaman matoa menjadi salah satu sumber keanekaragaman. Matoa yang merupakan tanaman khas Papua, telah menjadi simbol identitas dari Papua Barat. Selain itu, tanaman ini juga telah menyebar ke berbagai kepulauan di Indonesia, termasuk Pulau Jawa, Sumatera, dan Sulawesi (Lely, 2016).

Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst) termasuk ke dalam keluarga Sapindaceae. Keragaman matoa terbentuk karena matoa merupakan tanaman menyerbuk silang secara alami. Persilangan secara alami di alam menghasilkan keragaman matoa yang sangat tinggi baik dari rasa, tekstur daging dan warna kulit buah. Bibit matoa yang berasal dari biji tidak bisa dijamin sama persis dengan indukannya. Salah satu permasalahan pada budidaya matoa yaitu sulitnya membedakan tanaman matoa yang berkulit merah, kuning, hijau dan hitam. Karena perbedaan dapat terlihat ketika buah matang secara fisiologis atau matang secara sempurna (Faustina and Santoso, 2014).

Matoa memiliki 2 varian yaitu matoa kelapa dan matoa papeda. Keduanya dapat dibedakan berdasarkan tekstur daging buah. Berdasarkan hasil eksplorasi di Papua, Sorong, dan Pekanbaru hanya ditemukan matoa kelapa. Sedangkan di Sumatera Selatan, berdasarkan hasil eksplorasi BKSDA Provinsi Sumatera Selatan terdapat tanaman yang mirip matoa. Masyarakat setempat menyebutnya kungkil

dan ada juga yang menyebutnya matoa hutan. Secara morfologi Kungkil karakter morfologi mirip dengan matoa, tetapi terdapat perbedaan dari ukuran buah dan kulit buah.

Keragaman genetik memainkan peran dalam populasi tanaman, yang memungkinkan adanya seleksi untuk memperoleh karakter yang terbaik. Analisis keragaman ini dilakukan menggunakan berbagai penanda, baik secara morfologi maupun molekuler (DNA). Karakterisasi berbasis morfologi memiliki keunggulan dalam hal kemudahan, kecepatan, dan biaya yang lebih rendah, namun hasilnya dapat bervariasi karena dipengaruhi oleh faktor lingkungan, tahap pertumbuhan, musim, serta potensi kesalahan manusia (Rosmaina *et al.*, 2015).

DNA *barcoding* diketahui sebagai suatu teknik yang dapat mempermudah dan mempercepat untuk melakukan mengidentifikasi suatu spesies dengan menggunakan sekuen DNA yang berukuran pendek. Pengelompokannya dilakukan berdasarkan dari kemiripan gen-gen yang dimiliki suatu organisme. DNA *barcoding* merupakan salah satu pendekatan yang dapat digunakan untuk menganalisis variasi genetik (Rahayu dan Jannah, 2019).

Beberapa keunggulan DNA *barcoding* diantaranya memerlukan spesimen dalam jumlah yang terbilang sedikit, dapat mendokumentasikan keragaman kelompok-kelompok taksonomi yang belum dikenal ataupun kelompok dari tempat yang belum pernah teridentifikasi dan dapat mengungkapkan keragaman baru atau variasi baru pada spesies-spesies yang sebelumnya dikelompokkan pada satu spesies saja. Informasi genetik dari plasma nutfah sangat bermanfaat dalam program pemuliaan tanaman dan upaya konservasi (Murni, 2019).

Saat ini, ada beberapa penanda molekuler yang digunakan untuk mengungkap diferensiasi molekuler dan filogeni dalam berbagai kelompok tumbuhan. *Internal Transcribed Spacer* (ITS) rDNA merupakan penanda molekuler DNA yang sering digunakan oleh para ahli untuk menganalisis kekerabatan pada tumbuhan, baik pada tumbuhan tingkat tinggi maupun tumbuhan rendah (Rhamdhini, 2021).

Wilayah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) merupakan salah satu penanda molekuler yang paling banyak digunakan untuk filogeni tumbuhan, hewan, dan jamur. Panjang ITS bervariasi dari 500–700 bp pada tumbuhan angiospermae dan 1500–3700 bp pada beberapa tumbuhan gymnospermae (Hariri *et al.*, 2021).

Menurut Mahar *et al.*, (2017), wilayah ITS rDNA terdiri dari bagian-bagian yang sangat bervariasi seperti ITS1 dan ITS2, dan gen 5.8S yang lebih terkonservasi di antaranya. ITS rDNA merupakan wilayah yang paling sering diurutkan untuk studi filogenetik tumbuhan karena tingkat diskriminasi spesiesnya yang tinggi dan kemudahan teknis amplifikasinya. Oleh karena itu, terdapat sejumlah besar studi terkini yang tersedia, di mana wilayah ITS rDNA telah berhasil digunakan untuk menyimpulkan hubungan filogenetik dan identifikasi berbagai taksa.

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Mahar *et al.*, (2017), mengenai daerah sekuen ITS rDNA pada kelompok famili Sapindaceae. Spesies yang termasuk ke dalam famili Sapindaceae salah satunya adalah *Pometia pinnata* J.R.& G.Forst. mereka menggunakan sampel yang berasal dari India. Di Indonesia belum dilaporkan adanya penelitian Matoa mengenai daerah sekuen ITS rDNA, terutama di Sumatera Selatan.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini sebagai berikut:

1. Bagaimana variasi genetik tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst) berdasarkan sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) rDNA?
2. Bagaimana hubungan kekerabatan filogenetik tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst)?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian dalam penelitian ini sebagai berikut:

1. Mengetahui variasi genetik tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst) berdasarkan gen sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) rDNA.
2. Mengetahui hubungan kekerabatan filogenetik tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R.& G.Forst).

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi mengenai data molekuler tanaman Kungkil dan Matoa (*Pometia pinnata* J.R & G. Forst) terutama dalam penentuan DNA non-coding berdasarkan sekuen gen ITS rDNA.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., Ratih, A. E., Aulia, S., Rianti, P., Nurhayati, T., dan Jacob, A. M. (2020). Autentikasi Produk Olahan Ikan Hiu Komersial Menggunakan Teknik *Species-Specific DNA Mini-Barcodes*. *JPHPI*. 23(2) : 383-391.
- Akbar, N., Aris, M., Irfan, M., Tahir, I., dan Baksir, A. (2018). Kajian Filogenetik Ikan Tuna (*Thunnus spp*) Sebagai Data Pengelolaan Di Perairan Sekitar Kepulauan Maluku, Indonesia. *Jurnal Kelautan: Indonesian Journal of Marine Science and Technology*. 11(2) : 120.
- Anafarida, O. (2020). Analisis Filogenetik Mangga (*Mangifera Spp.*) Berdasarkan Gen 5,8s Rrna (Analysis of Philogenetic Manggo (*Mangifera spp.*) Based On RRNA 5,8S Gene) Olivia Anafarida dan Badruzaufari. 45(2016) : 120–126.
- Astarini, I. A., Ardiana, S. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, A., dan Al Malik, D. (2021). *Genetic Diversity and Phylogenetic of Longtail Tuna (Thunnus tonggol) Landed in Pabean Fish Market, Surabaya*. *Musamus Fisheries and Marine Journal*. 3(2) : 107–115.
- Aulia, A. (2022). Studi In Silico Potensi DNA Barcode Berbasis DNA Kloroplas (CpDNA) untuk Identifikasi Variasi Genetik *Opuntia sp.* *Jurnal Syntax Admiration*. 3(11) : 1383-1394.
- Aulia, S. L., Suwignyo, R. A., dan Adiartayasa, I. W. (2021). Optimasi Suhu *Annealing* Untuk Amplifikasi DNA Padi Hasil Persilangan Varietas Tahan Terendam Dengan Metode *Polymerase Chain Reaction*. *Sainmatika: Jurnal Ilmiah Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam*. 18(1) : 44-54.
- Buchori, A., Firmansyah, H., Anika, M., Ratnawati, S., Ulfa, U. T., dan Zandrato, Y. (2023). Komparasi Metode Ekstraksi DNA Menggunakan Daun Padi. *Agriculture and Biological Technology*. 1(1): 40-50.
- Darwiati, A. (2008). Keragaman dan Konservasi Genetik Tanaman Hutan Resisten Hama Penyakit. *Mitra Hutan Tanaman*. 3 (1): 43-50.
- Dewanata, P. A., dan Mushlih, M. (2021). Perbedaan Uji Kemurnian DNA Menggunakan Spektrofotometer UV-Vis dan Spektrofotometer Nanodrop pada Pasien Diabetes Melitus Tipe 2. *Indonesia Journal of Innovation Studies*. 15: 1-10.

- Elidar, Y., dan Purwati. (2022). Budidaya Tanaman Matoa (*Pometia Pinnata*) Di Pekarangan Dan Manfaatnya Untuk Kesehatan Keluarga. *JPKPM*. 2 (2) : 206-209.
- Fatimah, S. (2013). Analisis Morfologi Dan Hubungan Kekerabatan Sebelas Jenis Tanaman Salak (*Sallaca Sallaca*) Di Bangkalan Fakultas Pertanian Universitas Trunojoyo. *Jurnal Agrovigor*. 6(1).
- Faustina, F. C., dan Santoso, F. (2014). *Extraction of fruit pells of Pometian pinnata and it's antioxidant and antimicrobial activities*. *J. Pascapenen*. 11 (2) : 80-88.
- Hanifa, Y, R., Pujiyanto, S., Ferniah, S, R., dan Kusumaningrum, H, P. (2021). Identifikasi Molekuler Jeruk Nipis Tegal Berdasarkan Fragmen Gen 18S Ribosomal RNA. *Jurnal Bioteknologi dan Biosains Indonesia*. 8(2) : 244-254.
- Harahap, M, R. (2018). Elektroforesis: Analisis Elektronika Terhadap Biokimia Genetika. *Circuit: Jurnal Ilmiah Pendidikan Teknik Elektro*. 2(1) : 21-26.
- Hariri, M.R., Peniwidyanti, Irsyam, A.S.D., Irwanto, R.R., Martiansyah, I., Kusnadi, dan Yuhaeni, E. (2021). *Molecular Identification and Morphological Characterization of Ficus Sp. (Moraceae) In Bogor Botanic Gardens*. *Jurnal Biodjati*. 6(1) :36-44.
- Hartanti, R, E, D, P., Gumiri, S., Sunariyati, S. (2020). Keanekaragaman dan Karakteristik Habitat Tumbuhan Famili Araceae di Wilayah Kecamatan Jekan Raya Kota Palangka Raya. *Magister Pendidikan Biologi FP, UNPAR, Palangka Raya*.
- Hermansyah, H., Sutami, N., dan Miksusanti, M. (2018). Amplifikasi per domain d1/d2 28s rdna menggunakan primer its1 dan its4 sampel dna dari candida tropicalis yang diisolasi dengan metode pendinginan. *Indonesian Journal of Pure and Applied Chemistry*. 1(1) : 1-9.
- Hidayat, P., dan Pancoro, A. (2008). Kajian Filogenetika Molekuler dan Perannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *Jurnal AgroBiogen*. 4(1):35-40.
- <https://plantamor.com/species/info/pometia/pinnata#gsc.tab=0>. Diakses pada tanggal 25 Oktober 2024.
- Khairani, M., Purba, B, P, W., Umaroh, I, Y., Nabila, M., dan Rifda. (2024). Analisis Jurnal Variasi Genetik Makhluk Hidup Eukariotik. *Jurnal Multidisiplin Ilmu Akademik*. 1(3) : 861-871.

- Mahar, K. S., Palni, L. M. S., dan Ranade, S. A., Pande, V., dan Rana, T. S. (2017). *Molecular analyses of genetic variation and phylogenetic relationship in Indian soap nut (Sapindus L.) and closely related taxa of the family Sapindaceae. Meta Gene. 13 : 50–56.*
- Malik, S., Priya, A. dan Babbar, S.B. (2019) *Employing Barcoding Markers to Authenticate Selected Endangered Medicinal Plants Traded in Indian Markets. Physiology and Molecular Biology of Plants. Springer India. 25(2) : 327–337.*
- Nafisi, H., Kaveh, A., dan Osaloo, K. S. (2023). *Characterizing nrDNA ITS1, 5.8S and ITS2 secondary structures and their phylogenetic utility in the legume tribe Hedysareae with special reference to Hedysarum. PLOS One. 1-26.*
- Letchuman, S. (2018). *Shoet Introduction of DNA Barcoding. International Journal of Research. 5(4): 673-686.*
- Lely, N., A. M. Ayu., dan Adirmas. (2016). Efektifitas beberapa Fraksi Daun Matoa (*Pometia pinnata* J.R. Forst. & G. Forst.) sebagai Antimikroba. *Jurnal Ilmiah Bakti Farmasi. 1 : 51- 60.*
- Lestari, D. A., Azrianingsih, R., dan Hendrian, H. (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) : 1.*
- Morihoto, R. V. S. A., Chungdinata, S. E., Nazareth, T. A., Pulukadang, M. I., Makalew, R.A. M., Dan pinontoan, B. (2017). Identifikasi Perubahan Struktur DNA Terhadap Pembentukan Sel Kanker Menggunakan Dekomposisi Graf. *Jurnal Ilmiah Sains. 17(2) : 153-160.*
- Mursyidin, D. H., Daryono, B. D., dan Purnomo. (2021). *Keragaman Genetik Padi Rawa Kalimantan Selatan. Kalimantan Selatan : Scripta Cendekia.*
- Narita, V., Arum, A. L., Isnaeni, S., dan Fawzya, N. Y. (2012). Analisis Bioinformatika Berbasis WEB Untuk Eksplorasi Enzim Kitonase Berdasarkan Kemiripan Sekuen. *Jurnal Al-Azhar Indonesia Seri SAINS dan Teknologi. 1(4) : 197-203.*
- Palupi, D., Aryani, R. D., Sukarsa., dan Lestari, S. (2023). Hubungan Kekerbatan Fenetik 6 Spesies Anggota Genus *Hibiscus* Berdasarkan Karakter Morfologi. *Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi. 11(1) : 98-109.*
- Pangestika, Y., Budiharjo, A., Kusumaningrum, H. P. (2015). Analisis Filogenetik *Curcuma zedoaria* (temu putih) Berdasarkan Gen Internal Transcribed Spacer (ITS). *Jurnal Biologi. 4(4) : 8-13.*

- Pasagi, J., Julianty., Hamidah., dan Junairiah, (2014). Analisis Hubungan Kekerbatan Varietas Pada Belimbing (*Averrhoa carambola* L.) Melalui Pendekatan Morfologi. *Jurnal of Biologi Sciences*. 2(2) : 26-33.
- Permadi, J., Rochvita, A., Anggraini, C, P, K, dan Palimirmo, F, S. (2022). Filogenetik Ikan Ekstremofil *Edible* Populasi Magelang Menggunakan Gen *Cytochrome Oxydase I*. *Journal of Research and Technology*. 8(1) : 87-98.
- Polihito, R, A., Latjompoh, M., Kangdowangko, N, Y. (2022). Hubungan Kekerbatan Fenetik Lima Anggota Familia Araceae. *BIOSFER, J.Bio. & Pend.Bio*. 7(2) : 128-133.
- Rizko, N., Kusumaningrum, H, P., Ferniah, R, S., Erfianti, T., Mawarni, S, N., Rahayu, H, T., dan Khairunnisa, D. (2020). Isolasi DNA Jeruk Bali Merah (*Citrus maxima* Merr.) Dengan Modifikasi Metode *Doyle and Doyle*. *Berkala Bioteknologi*. 3(2) : 1-7.
- Rosmaina., Ashari, R., dan Zulfahmi. (2015). *Genetic Diversity Of Eurycoma Longifolia Jack Using Random Amplified Polymorphic Dna (Rapid) Marker In Forest Reserve Of Kenegerian Rumbio, Indonesia*. *Malaysian Applied Biology*. 44(4) : 73.
- Sitawati, A. F. Adirejo, F. Yulianti dan U. Azizah. (2019). Analisis Kekerbatan Plasma Nutfah Tanaman Stroberi (*Fragaria* Sp) Berdasarkan Karakter Morfologi dan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). *Plantropica Journal of Agricultural Science*. 4(1) : 77-85.
- Santini, N, K, D., Ratna, T, I, C, S., dan Diantari, N, K, Y. (2023). Matoa : Analogi Morfologi Buah Endemik Daerah Papua ‘Matoa’ Sebagai Inspirasi Penciptaan Karya Busana Berkolaborasi Dengan PT. Sangkara Indah Sejahtera. *Journal of Fashion Design*. 3(1) : 122-132.
- Seprianto, S., Feliatra, F., dan Nugroho, T, T. (2017). Isolasi dan Identifikasi Bakteri Probiotik dari usus Udang Windu (*Panaeus monodon*) Berdasarkan Sekuen Gen 16S rDNA. *Jurnal Biogenesis*. 5 : 83-92.
- Sijapati, M, J., Thapa, N, B., Rijal, R., Shiva, R, K, C., Karki, P. (2018). *Bronchiectasis in patients with chronic obstructive pulmonary disease*. *Journal of Pathology of Nepal*. 8(2) : 1346-1349.
- Sofiyanti, S., dan Isda, M, N. (2019). Paku Kawat *Lycopodiellacernua* (L.) Pic. Serm. (Lycopodiaceae-Lycopodiales) dari Provinsi Riau-Kajian Morfologi dan Sekuen DNA Berdasarkan Primer rbcl. *Jurnal Biologi Universitas Andalas*. 7(1) : 43-50.

- Sundari, S., dan Priadi, B. (2019). Teknik Isolasi dan Elektroforesis DNA Ikan Tapah. *Bulletin Teknik Litkayasa Akuakultur*. 17(2) : 87-90.
- Suza, W., Lamkey, K., Beavis, W., Campbell, A., Edwards, J., Fei, S.-Z., Lübberstedt, T., Merrick, L., dan Muenchrath, D. (2023). *Crop Genetics*. Iowa State University Digital Press.
- Tehuayo, M.N., Hidayatussakinah, dan Ulfa, N.A. (2023). Identifikasi Struktur Morfologi Tumbuhan Matoa (*Pometia pinnata*) di Lingkungan Kampus Universitas Pendidikan Muhammadiyah (UNIMUDA) Sorong. *Biolearning Journal*. 10(1) : 25-29.
- Triandiza, T., Kusnadi, A., Sari, N., Pesilette, R, N., Ainarwoman, A., Suparno dan Sapulete, S. (2020). Keragaman Genetik Kimia Kecil (*Tridacna maxima*) Di Pulau Kur, Pulau Biak, dan Manado Serta Implikasinya Untuk Konservasi. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*. 26(3) : 167-179.
- Utoro, P.A.R., Witoyo, J.E., dan Alwi, M. (2022). Tinjauan Literatur Singkat Bioaktivitas Ekstrak Daun Matoa (*Pometia pinnata*) dari Indonesia dan Aplikasinya Pada Produk Pangan. *Journal of Tropical Agrifood*. 4(2) : 67-76.
- Zubaidah, S. (2011). Integrasi Pendekatan Morfologi dan Molekuler DNA (*Deoxyribonucleic acid*) Dalam Taksonomi. Universitas Negeri Malang.
- Zulfahmi. (2013). Penanda DNA untuk Analisis Genetik Tanaman. *Jurnal Agroteknologi*. 3(2) : 41-5.