

DNA Barcoding Analysis Areca Nut from Riau Based on *matK* GeneHerman^{1*}, Zul Fitriadi², Hasan Basri Jumin², Nurbaiti¹, Dewi Indriyani Roslim¹¹Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau, Pekanbaru, Riau, Indonesia²Program Studi Magister Agronomi, Universitas Islam Riau, Pekanbaru, Riau, Indonesia

Article History

Received : September 16th, 2025Revised : October 23th, 2025Accepted : November 20th, 2025

*Corresponding Author:

Herman,

Jurusan Biologi, Fakultas

Matematika dan Ilmu

Pengetahuan Alam, Universitas

Riau, Pekanbaru, Indonesia

Email:

herman@lecturer.unri.ac.id

Abstract: Areca nut (*Areca catechu*) is a monocotyledonous plant and belongs to the Arecaceae family. Areca nut trees have an important role in the economic, religious, cultural, and traditional medicine sectors. The use of *matK* sequence DNA barcodes to identify areca nut species from Riau has never been done before. This study aims to analyze the potential of *matK* sequences as DNA barcodes for areca nut plants from Riau. Areca nut samples were taken from the Indragiri Hilir Regency, Riau Province, Indonesia. The samples consisted of five varieties, each represented by seven different individuals. The research stages carried out were fresh leaves collecting, DNA isolation using the Geneaid Mini Plant kit, PCR following Thermo Scientific instructions, agarose gel electrophoresis, sequencing, and data analysis using bioinformatics programs such as BioEdit, BLASTn, and MEGA 11. The results showed that the highest identity value (99.87%) was found in *A. catechu* (MW785259.1). Six nucleotide variations were found with one critical nucleotide for *A. catechu*. The *matK* DNA sequence of areca nut from Riau from this study is the first sequence reported in the GenBank database.

Keywords: *Areca catechu*, BLASTn, DNA barcode, *matK*, pinang, Riau.

Pendahuluan

Pinang (*Areca catechu*) merupakan tanaman monokotil dan termasuk dalam famili Arecaceae. Pinang tumbuh luas di hampir seluruh wilayah Indonesia dan memiliki beragam kegunaan, meskipun belum digolongkan sebagai tanaman utama (Novianti *et al.* 2023). Di kawasan Asia, pohon pinang memiliki peranan penting dalam bidang ekonomi, keagamaan, kebudayaan, serta pengobatan tradisional. Pinang dimanfaatkan oleh masyarakat lokal di Asia sebagai bahan kunyahan (*masticatori*) yang dapat merangsang produksi air liur (Fakdawer *et al.* 2023). Penelitian Rasyidah & Manalu (2020) membuktikan bahwa serat pinang dapat dimanfaatkan untuk bahan baku pembuatan kertas seni. Kulit pinang berpotensi tinggi dapat menjadi bioreduktor untuk mensintesis nanopartikel perak sebagai antibakteri *Escherichia coli* dan *Staphylococcus aureus* (Bemis *et al.* 2023). Selain itu, ekstrak metanol dari sabut buah pinang mengandung senyawa

yang memiliki potensi sebagai antioksidan (Rustiah *et al.* 2023). Pinang juga telah dikaitkan dengan tradisi yang menjadi bagian dari berbagai upacara budaya, sosial, dan keagamaan sejak sekitar tahun 1500–500 sebelum Masehi di India (Srimany *et al.* 2016).

Pinang dikenal dengan berbagai sebutan lokal di Indonesia, seperti Jambe, Penang, Woham, Pineng, dan Pineung di Jawa; Batang Mayang, Batang Bongkah, Batang Pinang, Pining, serta Bonai di Sumatera; Gahat, Gehat, Kahat Laam, Hunoto, Luguto, Poko Rapu, dan Amongun di Sulawesi; serta Biwa, Biwasoi, dan Mucillo Palm di Maluku (Utami *et al.* 2020). Sementara itu, masyarakat di Bengkulu Tengah menyebutnya dengan nama “Buah Baka”. Berdasarkan ciri morfologinya, pinang dibedakan menjadi beberapa jenis, yakni pinang irian, pinang kelapa, pinang merah, pinang salea, pinang kera, dan pinang sirih. Di antara semua jenis tersebut, pinang sirih merupakan yang paling terkenal karena memiliki nilai ekonomi tertinggi (Miswanti *et al.* 2022).

Pinang memiliki siklus hidup yang relatif panjang, sehingga proses pemuliaan secara konvensional untuk meningkatkan hasil dan kualitas sifatnya berlangsung lambat. Oleh karena itu, diperlukan pengembangan penanda molekuler dengan resolusi tinggi yang berhubungan dengan sifat-sifat agronomis guna mempercepat program pemuliaan tanaman pinang (Qi *et al.* 2025).

Genus *Areca* terdiri atas 76 spesies, dan *Areca catechu* merupakan satu-satunya spesies yang dibudidayakan. Tanaman ini memiliki tingkat penyerbukan silang yang sangat tinggi. Dari 13 kultivar *A. catechu* yang berasal dari delapan negara, ditemukan perbedaan signifikan dalam berbagai aspek, seperti jumlah daun yang gugur, jumlah spadiks dan bunga betina yang terbentuk, proses pembentukan biji, jumlah biji yang dipanen, serta berat dan ukuran bijinya. Hingga saat ini, plasma nutfah pinang telah diidentifikasi dan dievaluasi berdasarkan karakter morfologi dan hasil produksinya (Adivappar *et al.* 2022).

Identifikasi dan penentuan hubungan kekerabatan antarspesies pinang berdasarkan karakter morfologi masih kurang efektif karena adanya kemiripan morfologi yang tinggi di antara spesies yang berhubungan dekat. Oleh sebab itu, diperlukan penerapan teknik barkoding DNA yang bekerja dengan mengenali spesies pada tingkat molekuler menggunakan penanda molekuler standar dari sekuens DNA pendek (Jannah *et al.*, 2021). Penggunaan penanda berbasis DNA dianggap lebih akurat karena tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan (Arsyad *et al.* 2022). Penanda molekuler ini berperan penting dalam membantu identifikasi dan analisis kekerabatan antarspesies, mendeteksi perubahan genetik, menjaga kemurnian benih, serta mendukung pengembangan program pemuliaan tanaman secara strategis (Adivappar *et al.* 2022).

Beberapa penelitian menggunakan penanda molekuler untuk mengkaraktirasi pinang karena sifat morfologi yang digunakan, rentan terhadap pengaruh lingkungan. Darupamenang *et al.* (2022) menggunakan *rbcL* dan *matK* untuk analisis filogenetik genus *Alocasia*, famili Arecaceae. Selain itu, sekuens *matK* juga digunakan oleh Abbas *et al.* (2020) dan berhasil membedakan intraspesies dan interspesies dalam famili Aracaceae yang

dikoleksi di *Sago Palm Research Center* (SRC) Universitas Papua (UNIPA), Manokwari, Indonesia.

Gen *matK* adalah barcode DNA untuk identifikasi tumbuhan yang direkomendasikan oleh *Barcode of Life* (CBOL) (Letsiou *et al.* 2023). Gen ini terletak di genom plastida yang mampu memberikan tingkat diskriminasi tinggi terhadap spesies Angiospermae. Selain itu, *matK* dianggap lebih akurat dalam proses identifikasi karena mampu membedakan organisme hingga pada tingkat spesies, sedangkan gen *rbcL* hanya mampu membedakan hingga tingkat genus. (Kolondam *et al.*, 2013). Penggunaan barcode DNA *matK* untuk mengidentifikasi spesies Pinang asal Riau belum pernah dilakukan sebelumnya. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis potensi sekuens *matK* sebagai barcode DNA tanaman Pinang asal Riau. Diharapkan penelitian ini dapat memberikan informasi penting tentang cara mengidentifikasi Pinang dalam upaya konservasinya di Riau.

Bahan dan Metode

Bahan Penelitian

Bahan penelitian berupa tanaman pinang yang tumbuh di perkebunan pinang masyarakat di Kabupaten Indragiri Hilir, Provinsi Riau, Indonesia. Pinang yang diteliti berjumlah 3 varietas (Pinang Kuning, Pinang Merah, dan Pinang Lokal) yang masing-masing diwakili oleh 7 individu berbeda. Barcode DNA yang digunakan adalah *matK* dengan pasangan primernya sebagai berikut: *matK*-413F-1: TAA TTT ACR ATC AAT TCA TTC AAT ATT TCC dan *matK*-1227R-3: GAR GAT CCR CTR TRA TAA TGA AAA AGA TTT (Heckenhauer *et al.* 2016).

Ekstraksi DNA Total

Isolasi DNA total mengikuti prosedur kerja dari *Genomic DNA Mini Kit Plant* (*Geneaid*). Sampel daun seberat 0,2 gram dimasukkan ke dalam mortar dan ditambahkan nitrogen cair, lalu digerus dengan *pestle* hingga berbentuk serbuk. Serbuk daun dimasukkan ke dalam tabung 1,5 ml. Elektroforesis DNA total dilakukan pada gel agarosa 1% yang ditambahkan 3 µl larutan *ethidium bromide* (EtBr) di dalam 100 ml 1X TBE pH 8 dengan tegangan listrik 50 volt selama 40 menit. Lampu

UV transilluminator digunakan untuk visualisasi Pita DNA total dan difoto menggunakan kamera berfilter UV.

Amplifikasi dengan Teknik PCR (*polymerase chain reaction*)

Instruksi pabrik *Thermo Scientific* digunakan sebagai acuan komponen dan program PCR. Komponen PCR dengan total volumer 50 µl, terdiri dari: 2 µl DNA total, 1X buffer PCR (+Mg²⁺), 0,2 mM dNTPs, 0,5 µM primer *forward*, 0,5 µM primer *reverse*, 2 Unit *dreamTaq DNA polymerase*, dan ddH₂O untuk menggenapkan reaksi PCR. Proses PCR berlangsung dengan tahapan yaitu 5 menit pra PCR pada suhu 94°C, lalu 35 siklus yang terdiri dari denaturasi 45 detik pada suhu 95°C, 45 detik *annealing* pada suhu 47,5°C (Herman *et al.*, 2025) dan 90 detik elongasi pada suhu 72°C. Pasca PCR pada suhu 72°C selama 10 menit. Keberhasilan PCR selanjutnya dideteksi dengan teknik elektroforesis gel agarosa. 2 µl sampel DNA produk PCR ditambahkan 2 µl *loading dye*, lalu dimasukkan ke dalam sumur. Selama 45 menit dilakukan elektroforesis pada tegangan listrik 50 volt. Lampu UV transilluminator digunakan untuk memvisualisasikan hasil PCR di bawah sinar UV, dan kamera dengan filter UV digunakan untuk mengambil foto.

Sekuensing

Produk PCR sebanyak 40 µl bersama masing-masing 30 µl primer *forward* dan *reverse* ditutup rapat menggunakan *parafilm*, kemudian dikirim ke PT Genetika Science Indonesia sebagai pihak perantara. Proses sekuensing selanjutnya dilakukan di *First Base Laboratories*, Malaysia.

Analisis Data

Analisis hasil sekuensing dilakukan dengan menggunakan *software* BioEdit versi 7.0. Untuk menentukan kemiripannya dengan database publik GenBank, digunakan program BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool – nucleotide*) yang diakses melalui *website* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>.

Sementara itu, pembuatan dendrogram dilakukan menggunakan perangkat lunak MEGA versi 11.

Hasil dan Pembahasan

Analisis Sekuens DNA *matK* Pinang Asal Riau

Hasil analisis BLASTn menunjukkan bahwa sekuens *matK* Pinang asal Riau yang diperoleh pada penelitian ini memiliki nilai identiti berkisar antara 99,39%-99,87% dari 14 spesies teratas yang menandakan bahwa sekuens merupakan daerah *matK* (Tabel 1). Jannah *et al.* (2021) menyatakan apabila tingkat kesamaan (homologi) antara sekuens yang diperoleh dengan sekuens yang terdapat di *GenBank* menunjukkan nilai kecocokan tinggi yang berkisar antara 94%-99%, maka dapat dikatakan sekuens yang diperoleh sudah sesuai dan akurat. Berdasarkan hasil analisis penelitian ini, belum ditemukan data akses di *GenBank* yang memiliki tingkat kemiripan 100% dengan Pinang asal Riau. Temuan tersebut menunjukkan bahwa sekuens *matK* Pinang asal Riau belum pernah tercatat ataupun dipublikasikan sebelumnya dalam *database* *GenBank*. Herman *et al.* (2025) menyatakan apabila identiti sekuens DNA dengan data di *GenBank* tidak mencapai 100%, maka kemungkinan besar spesies tumbuhan tersebut telah diketahui, namun informasi sekuens barcode DNA-nya belum tersedia dalam *database* tersebut. Dengan demikian, sekuens DNA *matK* Pinang asal Riau dari penelitian ini ialah laporan pertama yang dimasukkan ke dalam *GenBank*.

Tabel 1. Hasil analisis BLASTn pada sekuens *matK* pinang asal Riau

Nomor Akses	Nama Ilmiah	Query Cover (%)	E-value	Identiti (%)
MW785259.1	<i>Areca catechu</i>	100	0,0	99,87
MW785257.1	<i>Areca catechu</i>	100	0,0	99,87
MW785258.1	<i>Areca catechu</i>	100	0,0	99,87
NC_050163.1	<i>Areca catechu</i>	100	0,0	99,74
NC_029972.1	<i>Areca vestiaria</i>	100	0,0	99,61
MW785255.1	<i>Areca vestiaria</i>	100	0,0	99,61
NC_079784.1	<i>Hydriastele microspadix</i>	100	0,0	99,48
NC_079770.1	<i>Burretioakentia hapala</i>	100	0,0	99,48

Nomor Akses	Nama Ilmiah	Query Cover (%)	E-value	Identiti (%)
NC_079797.1	<i>Nenga pumila</i>	100	0,0	99,48
HG969968.1	<i>Kentiopsis piersoniorum</i>	100	0,0	99,48
AM114665.1	<i>Nenga pumila</i>	100	0,0	99,48
AM114669.1	<i>Cyphophoenix nucele</i>	100	0,0	99,48
HG969983.1	<i>Oncosperma tigillarum</i>	100	0,0	99,48
AM14672.1	<i>Veillonina alba</i>	100	0,0	99,39

Terdapat beberapa parameter dalam analisis BLASTn yang digunakan untuk menilai tingkat homologi antara sekuens sampel dan sekuens yang terdapat dalam *database* GenBank. Hasil analisis BLASTn menampilkan urutan sekuens organisme berdasarkan tingkat kesamaan, mulai dari homologi tertinggi hingga terendah. Salah satu parameter penting adalah *E-value*, yaitu nilai probabilitas yang menunjukkan tingkat kemiripan antara sekuens sampel dan sekuens pembanding. Semakin kecil nilai *E-value*, semakin tinggi tingkat homologinya (Nugraha *et al.* 2015). Parameter lain yang digunakan adalah *Percent identity*, yang menunjukkan tingkat kesamaan antara sekuens sampel dengan sekuens spesies dalam GenBank. Nilai *Percent identity* yang lebih tinggi menandakan tingkat kemiripan sekuens yang semakin besar (Shofa *et al.* 2019).

Hasil penyelarasan (*alignment*) sekuens *matK* dari tanaman pinang dengan 14 akses spesies dalam famili *Arecaceae* menunjukkan adanya enam situs polimorfisme, yaitu pada posisi nukleotida ke-80, 169, 424, 522, 553, dan 646. Terdapat satu situs nukleotida kritis yang

membedakan Pinang asal Riau dan *Areca catechu* dengan spesies lain dalam famili *Arecaceae* yaitu pada situs 553 dimana Pinang asal Riau dan *Areca catechu* memiliki nukleotida C sedangkan pada spesies lain terjadi substitusi transisi menjadi T. Hasil ini mendukung pendapat bahwa teknik barkoding DNA dapat membantu dalam mengkonfirmasi status taksonomi suatu organisme berdasarkan perbedaan nukleotida pada posisi tertentu yang disebut dengan nukleotida kritis.

Analisis filogenetik terhadap empat belas sekuens beserta sekuens sampel dilakukan menggunakan perangkat lunak MEGA 11 dengan metode *Neighbor Joining* (NJ), karena metode ini dapat dijalankan pada komputer pribadi dan memungkinkan pelaksanaan uji *bootstrap* dengan mudah. Selain itu, metode NJ juga memudahkan dalam memperoleh topologi pohon evolusi yang optimal (Nurbaiti *et al.* 2025). Uji statistik pada pohon filogenetik dilakukan melalui *bootstrap* sebanyak 1000 kali ulangan. Menurut Priyadi *et al.* (2022), jumlah 1000 ulangan *bootstrap* mampu meningkatkan ketepatan hasil dendrogram.

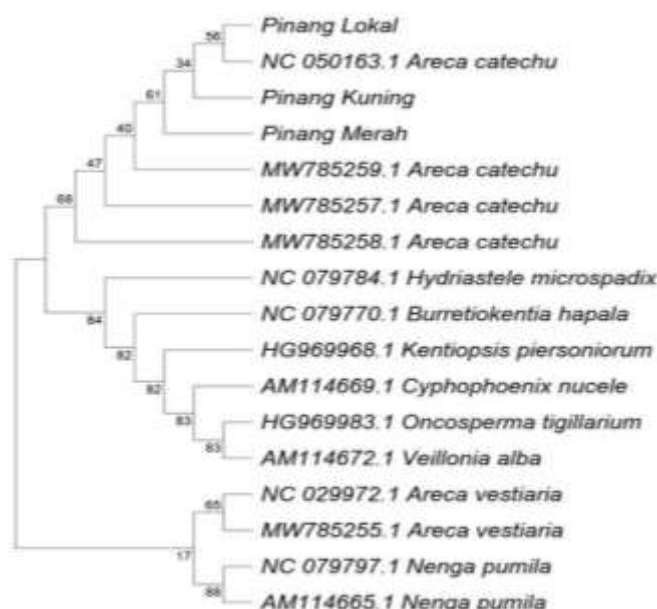
Tabel 2. Variasi nukleotida dan nukleotida kritis pada sekuens *matK*

Akses	Nomor nukleotida (vertikal)					
	1	4	5	5	6	
	8	6	2	2	5	4
	0	9	4	2	3	6
Pinang Kuning	C	-	G	A	C	A
Pinang Merah	.	-	.	.	.	.
Pinang Lokal	.	-	.	.	.	.
MW785259.1 <i>Areca catechu</i>	.	T	.	.	.	.
MW785257.1 <i>Areca catechu</i>	.	T	.	.	.	.
MW785258.1 <i>Areca catechu</i>	.	T	.	.	.	.
NC 050163.1 <i>Areca catechu</i>	.	-	.	.	.	.
NC 029972.1 <i>Areca vestiaria</i>	.	T	.	.	T	.
MW785255.1 <i>Areca vestiaria</i>	.	T	.	.	T	.
NC 079784.1 <i>Hydriastele microspadix</i>	T	T	.	C	T	.
NC 079770.1 <i>Burretioakentia hapala</i>	T	T	.	C	T	.
NC 079797.1 <i>Nenga pumila</i>	.	T	A	.	T	C
HG969968.1 <i>Kentiopsis piersoniorum</i>	T	T	.	C	T	.
AM114665.1 <i>Nenga pumila</i>	.	T	A	.	T	C
AM114669.1 <i>Cyphophoenix nucele</i>	T	T	.	C	T	.

HG969983.1 <i>Oncosperma tigillarum</i>	T	T	.	C	T	.
AM114672.1 <i>Veillonionia alba</i>	T	T	.	C	T	.

Dendrogram yang terbentuk menunjukkan adanya pengelompokan Pinang asal Riau yang tergabung dalam satu klade dengan *Areca catechu*. Dendrogram tersebut juga memperlihatkan adanya pemisahan yang jelas antara pinang asal Riau dengan spesies lain dalam famili Arecaceae (Gambar 1). Pemisahan tersebut membentuk 3 klade, yaitu klade pertama yang terdiri dari Pinang asal Riau dan spesies *Areca catechu*, klade kedua dan ketiga terdiri dari gabungan spesies lain dari famili Arecaceae.

Jarak genetik dan situs nukleotida polimorfis antar spesies yang dianalisis mempengaruhi pemisahan kelompok pada famili Arecaceae. Jarak genetik dipengaruhi oleh urutan basa nukleotida antar spesies. Situs nukleotida polimorfis merupakan bentuk polimorfisme genetik yang stabil dalam genom dan dapat dimanfaatkan untuk menganalisis perbedaan di antara spesies yang memiliki kekerabatan dekat (Prasetya *et al.* 2020).



Gambar 1. Dendrogram berdasarkan sekuens *matK* menggunakan analisis *Neighbor Joining Tree* dengan 1000 ulangan *bootstrap*.

Pinang asal Riau membentuk klade yang sama dengan *Areca catechu*. (Gambar 1). Hal ini terjadi karena adanya kesamaan nukleotida yang tinggi antara Pinang asal Riau dan *Areca catechu* dengan persen identiti 99.74-99.87 % (Tabel 1). Danong *et al.* (2023) menyatakan bahwa kesamaan karakter yang dimiliki oleh suatu spesies menunjukkan kedekatan hubungan kekerabatan. Pemisahan kelompok dan pembentukan suatu klade disebabkan oleh adanya kesamaan urutan basa nukleotida antarspesies yang mempengaruhi jarak genetik. Sekuens dengan pola basa yang mirip akan memiliki jarak genetik yang rendah dan akan berkumpul dalam satu klade.

Dalam penelitian ini, sekuens *matK* berpotensi digunakan sebagai barkode DNA pada Pinang asal Riau. Sekuens *matK* mampu membedakan Pinang asal Riau dengan aksesori lain. Hal ini dikarenakan barkode tersebut memiliki variasi yang tinggi dalam bentuk substitusi. Variasi tersebut memunculkan nukleotida kritis yang menjadi ciri khas Pinang. Mutasi yang teridentifikasi dalam penelitian ini meliputi jenis substitusi berupa transisi dan insersi. Menurut Wathon *et al.* (2023), variasi nukleotida muncul akibat adanya peristiwa mutasi yang terjadi pada suatu organisme. Mutasi tersebut menjadi faktor penting dalam munculnya keragaman genetik yang bermanfaat

untuk analisis filogenetik serta penentuan taksonomi organisme. Dengan demikian, hasil penelitian ini menunjukkan bahwa gen *matK* dapat berfungsi sebagai barkode DNA yang efektif untuk mengidentifikasi spesies Pinang asal Riau dan membedakannya dari spesies lain dalam famili Arecaceae.

Kesimpulan

Hasil penelitian menunjukkan bahwa sekuens barkode DNA *matK* memiliki potensi untuk identifikasi pinang asal Riau. Pada penelitian ini ditemukan 6 variasi nukleotida yaitu pada posisi ke-80, 169, 424, 522, 553, dan 646 dengan satu nukleotida kritis (basa ke-553) untuk spesies pinang (*A. catechu*). Pinang yang dianalisis memiliki kemiripan paling tinggi dengan *Areca catechu* dan membentuk klade yang sama pada dendrogram yang terbentuk. Sekuens DNA *matK* pinang asal Riau hasil penelitian ini merupakan sekuens pertama yang dilaporkan pada *GenBank*.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih kepada Koordinator Laboratorium FMIPA Universitas Riau yang telah memfasilitasi penelitian ini.

Referensi

- Abbas, B., Kabes, R.J., Mawikere, N.L., Ruimassa, R.M.R., Maturbong, R.A. (2020). DNA barcode of *Metroxylon sagu* and other palm species using *matK* gene. *Biodiversitas*, 21, 4047-4057. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d210916>
- Adivappar, N., Amulya, R.N., Satish, K.M. and Nagaraja, N.R. (2022). Genetic relationship and diversity analysis in Arecanut (*Areca catechu* L.) genotypes using molecular markers. *Agricultural Science Digest*, 42(6): 688-695. <https://doi.org/10.18805/ag.D-5283>
- Arsyad, M.A., Irwan., Boer, D., Cahyaningsih, Y.F., Larekeng, S.H., Iswanto. (2022). Polimorfisme primer RAPD pada tanaman jambu mete asal tiga kabupaten di Sulawesi Tenggara. *Jurnal Galung Tropika*, 11(2), 124 – 131. <https://doi.org/10.31850/jgt.v11i2.888>
- Bemis, R., Deswardani, F., Heriyanti, Puspitasari, R.D., Azizah, N. (2023). Sintesis hijau nanopartikel perak

menggunakan bioreduktor kulit pinang (*Areca Catechu* L.) sebagai antibakteri *Escherichia coli* dan *Staphylococcus aureus*. *Indonesian Journal of Chemical Analysis*, 6(2), 176-186. <https://doi.org/10.20885/ijca.vol6.iss2.art9>

- Danong, M.T., Ruma, M.T.L., Nono, K.M., Mauboy, R.S., Boru, T.L., Etu, E. (2023). Hubungan kekerabatan fenetik jenis-jenis tumbuhan genus *Euphorbia* (*Euphorbiaceae*) berdasarkan ciri morfologi. *Floribunda*, 7, 37-50. <https://doi.org/10.32556/floribunda.v7i2.2023.387>
- Darupamenang, A.S., Kolondam, B.J., Ai, N.S., Tallei T.E. (2022). Analisis Filogenetik Genus *Alocasia*. *Jurnal Bios Logos*, 12(2), 157-163. <https://doi.org/10.35799/jbl.v12i2.42093>
- Fakdawer, N.S., Boari, Y., Walilo, M. (2023). Identifikasi sumber dan dampak buah pinang dalam budaya Papua (studi kasus pedagang pinang di Pasar Youtefa Kota Jayapura). *KRITIS*, 32(2), 164-175. <https://doi.org/10.24246/kritis.v32i2p164-175>
- Herman, Sari, M., Multivasari, N., Roslim, D.I. (2025). DNA Barcoding Analysis Kitolod (*Hippobroma longiflora*) from Riau Based on *matK* Gene. *Jurnal Biologi Tropis*, 25(1), 653-659. <http://doi.org/10.29303/jbt.v25i1.8479>
- Jannah, M., Hariri, M.R., Kasiamdari, R.S., & Handayan, N.S.N. (2021). The use of DNA barcoding and phylogenetic analysis to improve identification of *Usnea spp.* based on *ITS rDNA*. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 6(1), 1-12. <https://doi.org/10.22146/jtbb.58635>
- Kolondam, B.J., Lengkong, E., Polii-Mandang, J., Samuel, R., & Pinaria, A. (2013). Barcode DNA *Anthurium Gelombang Cinta* (*Anthurium plowmanii*) berdasarkan gen *rbcL* dan *matK*. *Jurnal Bios Logos*, 3(1), 17-25. <https://doi.org/10.35799/jbl.3.1.2013.3385>
- Kumar, R., Mahadani, P., Kishore, R., Meitei, A. L., & Singh, D.R. (2016). DNA barcoding of Indian orchids. *Technical Bulletin*. No. 48.

- Letsiou, S., Madesis, P., Vasdekis, E., Montemurro, C., Rigoriou, M.E., Skavdis, G., Moussis, V., Koutelidakis, A.E., & Tzakos, A.G. (2023). DNA barcoding as a plant identification method. *Applied Sciences*, 14, 1-10. <https://doi.org/10.3390/app14041415>
- Miswarti., Putra, W.E., Rosmanah, S., Rahman, T., Ishak, A., Wahyuni, T., Hidayat, T., Afrizon. (2022). *Pinang (Areca catechu)*. Sumatera Utara: Yayasan Kampoeng Serdang Beradat.
- Novianti, D., Nursaidah, D., Supriatna, A. (2023). Karakterisasi Dan Keanekaragaman Tumbuhan Famili Arecaceae Di Kampus 1 UIN Sunan Gunung Djati Bandung. *Jurnal Riset Rumpun Ilmu Tanaman*, 2(1), 65-79. <https://doi.org/10.55606/jurrit.v2i1.1437>
- Nugraha, F., Roslim, D.I., Ardilla, Y.P., Herman. (2014). Analisis Sebagian sekuen gen Ferritin2 pada Padi (*Oryza sativa* L.) Indragiri Hilir, Riau. *Biosaintifika*, 6(2), 94-103. <https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v6i2.3102>
- Nurbaiti, Roslim, D.I., Herman. (2025). A DNA Barcoding Multilocus Analysis in the Cucurbitaceae Family. *Jurnal Biologi Tropis*, 25(2), 1221-1230. <http://doi.org/10.29303/jbt.v25i2.8702>
- Prasetya, E., Prakasa, H., Jannah, M., Rachmawati, Y. (2020). DNA barcoding Edelweiss (*Anaphalis longifolia*) asal Sumatera Utara menggunakan sekuen gen *maturase K*. *Jurnal Biosains*, 6(3), 115-122. <https://doi.org/10.24114/jbio.v6i3.22403>
- Priyadi, A., Asih, N.P.S., & Erlinawati, I. (2022). Reconstructing phylogenies of *Alocasia* spp. (Araceae) distributed in Indonesia for conservation prioritization: Reconstructing phylogenies of *Alocasia* spp. (Araceae). *Journal of Tropical Life Science*, 12(3), 317– 323. <https://doi.org/10.11594/jtls.12.03.04>
- Qi, L., He, H., Jiang, S., Zhou, H., Liu, F., Mehmood, S., and Xia, Z. (2025). Genetic diversity and population structural analysis of *Areca catechu* revealed by single-nucleotide polymorphism markers. *Horticulturae*, 11, 295. <https://doi.org/10.3390/horticulturae11030295>
- Rasyidah., Manalu, K. (2020). Review jurnal potensi pemanfaatan serat pinang (*Areca catechu* L.) sebagai bahan baku pembuatan kertas seni. *KLOROFIL: Jurnal Ilmu Biologi dan Terapan*, 4, 78. <https://doi.org/10.30821/kfl:jibt.v4i2.8899>
- Rustiah, W., Fatmawati, A., Arisanti, D., Alfian, A. (2023). Analisis komposisi kimia dan evaluasi aktivitas antioksidan pada ekstrak sabut buah pinang (*Areca catechu* L.). *Lontara Journal of Health Science and Technology*, 4, 104-115. <https://doi.org/10.53861/lontarariset.v4i2.388>
- Shofa, A.F., Hariyanti., & Wahyudi, P. (2019). Penggunaan DNA mitokondria sebagai penanda sumber gelatin sediaan gummy dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* dan sekuensing DNA. *Jurnal Sains Farmasi & Klinis*, 6(1), 25-31. <https://doi.org/10.25077/jsfk.6.1.25-31.2019>
- Srimany, A., George, C., Naik, H.R., Pinto, D.G., Chandrakumar, N., & Pradeep, T. (2016). Developmental patterning and segregation of alkaloids in areca nut (seed of *Areca catechu*) revealed by magnetic resonance and mass spectrometry imaging. *Phytochemistry*, 125, 35-42. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2016.02.002>
- Utami, A., Sastra, M., Zulkarnain. (2020). Abu kulit pinang sebagai pengganti filler pada campuran AC-BC. *Jurnal Inovtek Seri Teknik Sipil Dan Aplikasi (TEKLA)*, 2(1), 1-7. <https://doi.org/10.35314/tekla.v2i1.1431>
- Wathon, S., Astikaningrum, D., Ardyah, N.P.C., Oktarianti, R., & Senjarini, K. (2023). In silico exploration of the potential barcode DNA in *Anopheles* sp., a malarian vector from Indonesia. *Jurnal Biolokus: Jurnal Penelitian Pendidikan Biologi dan Biologi*, 6(1), 96-110. <https://doi.org/10.30821/biolokus.v6i1.1749>