

Comparative Analysis of DNA Barcodes in The Fabaceae Family

Haura Fikriyyah Tsany¹ & Dewi Indriyani Roslim^{2*}

¹Mahasiswa Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau, Pekanbaru, Indonesia;

²Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau, Pekanbaru, Indonesia;

Article History

Received : March 05th, 2026

Revised : April 30th, 2026

Accepted : May 11th, 2026

*Corresponding Author:

Dewi Indriyani Roslim, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau, Pekanbaru, Indonesia;

Email:

dewiindriyaniroslim@gmail.com

Abstract: In identifying plants, people are confused about choosing the appropriate barcode for identification. For that reason, this study aims to analyze four DNA barcode *rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS, and *ITS* in the Fabaceae family. DNA sequence were taken and collected from *Genbank* through the NCBI website, which is 30 species from 6 genera each consisting of 5 species and the outgroup (*Acacia auriculiformis*). DNA sequence analysis was performed using MEGA 11. Phylogenetic analysis were performed using the *Neighbor Joining Tree (NJ)* and *Maximum Likelihood (ML)* methods. The results of the analysis sequence variation showed that the highest conserved site was found in *rbcL* (83.72%) and variable site was found in *ITS* (62.03%). The number of segregation sites, substitution rates and diversity values in the Fabaceae family were highest in the *ITS*, respectively (451), (0.155284), and (0.219148). In conclusion, the four DNA barcodes analyzed in the Fabaceae family, namely *rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS and *ITS*, were able to separate the genera in the Fabaceae family. Among the four DNA barcodes analyzed, *ITS* was superior in identifying the Fabaceae family. The results of this study can be used as information in identifying plants in the Fabaceae family.

Keywords: DNA barcode; Fabaceae; *rbcL*; *matK*; *trnL-trnF* IGS; *ITS*.

Pendahuluan

Famili Fabaceae merupakan salah satu kelompok tumbuhan yang terbagi menjadi subfamili Caesalpinioideae, Mimosoideae, dan Faboideae (Papilionoideae) (Eriawati *et al.*, 2025). Secara morfologi, tumbuhan pada famili ini sangat sulit dibedakan dan membutuhkan teknik yang lebih kompleks dalam melakukan identifikasi untuk setiap spesiesnya, seperti barcode DNA (Akbar *et al.*, 2025; Syahrani & Hala, 2026). Kondisi tersebut menunjukkan bahwa pendekatan konvensional secara morfologi menjadi kurang efektif, terutama pada spesies yang memiliki kemiripan secara morfologinya seperti famili Fabaceae. Teknik *DNA barcoding* memungkinkan identifikasi spesies dalam famili Fabaceae secara molekuler.

Teknik *DNA barcoding* merupakan metode untuk identifikasi suatu spesies secara

molekuler melalui sekuens pendek DNA (*DNA barcode*) (Widiani *et al.*, 2021; Chika & Zahro, 2024). Barcode DNA yang digunakan dapat berupa gen penyandi protein seperti *rbcL* dan *matK* yang berada pada DNA kloroplas dan memiliki kestabilan dan kemampuan dalam klasifikasi taksonomi sehingga banyak digunakan dalam identifikasi tumbuhan (Su'udi, 2023; Farhan & Ulum, 2024).

Gen *rbcL* sudah terstandar dan memiliki keberhasilan yang tinggi dalam sekuensing pada tumbuhan (Idami, 2024). Selain itu, dapat berupa wilayah *non-coding* seperti *Internal Transcribed Spacer (ITS)* dan *trnL-trnF intergenic spacer* memiliki tingkat variasi yang lebih tinggi sehingga efektif untuk membedakan spesies yang berkerabat dekat. *ITS* berada di genom inti yang memiliki keunggulan berupa jumlah salinan yang banyak, bersifat polimorfik serta pewarisan biparental, sehingga mudah diamplifikasi (Risah

& Jannah, 2025). Sementara itu, *trnL-trnF* dikenal memiliki laju mutasi yang tinggi dan variasi sekuens antarspesies yang cukup jelas. Karakteristik ini menjadikan barkode DNA tersebut penting dalam studi identifikasi tumbuhan (Hermawan & Lachica, 2026).

Meskipun berbagai barkode DNA telah banyak digunakan, pemilihan barkode yang paling efektif menjadi tantangan untuk identifikasi spesies dalam famili Fabaceae. Barkode DNA yang bersifat konservatif seperti *rbcL* (Kipkiror *et al.*, 2022; Kamillah, 2025) yang kurang mampu membedakan spesies berkerabat dekat, sedangkan barkode yang memiliki variasi dan laju mutasi yang tinggi seperti *ITS* (Risah & Jannah, 2025), *matK* memiliki resolusi yang tinggi (Evelyn *et al.*, 2025; Nova *et al.*, 2026), dan *trnL-trnF* yang biasanya mampu membedakan spesies berkerabat dekat. Selain itu, keterbatasan data sekuens pada beberapa spesies famili Fabaceae juga menjadi kendala dalam proses identifikasi tumbuhan secara molekuler. Hal ini menunjukkan bahwa belum ada informasi terkait barkode DNA yang dapat digunakan dalam identifikasi spesies famili Fabaceae.

Berdasarkan permasalahan tersebut, penelitian mengenai perbandingan barkode DNA pada famili Fabaceae menjadi penting untuk dilakukan. Perbandingan antara beberapa barkode DNA yang biasanya digunakan dalam identifikasi tumbuhan diharapkan dapat memberikan informasi bagi yang ingin melakukan identifikasi spesies dalam famili Fabaceae. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis empat barkode DNA (*rbcL*, *matK*, *trnL-trnF*, dan *ITS*) dalam famili Fabaceae. Selain itu, diharapkan hasil penelitian ini dapat memperkaya informasi terkait tumbuhan, khususnya dalam famili Fabaceae.

Bahan dan Metode

Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan November 2024 sampai Februari 2025 di Laboratorium Genetika, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau.

Bahan penelitian

Data sekuens DNA yang digunakan dalam penelitian ini adalah dari famili Fabaceae dan *outgroup* (*Acacia auriculiformis*) yang diambil di *Genbank* pada *website* NCBI. Data sekuens DNA terdapat 30 spesies (terdiri dari 6 genus, setiap genusnya masing-masing 5 spesies) dari keempat barkode DNA dan satu *outgroup* yang digunakan pada penelitian ini.

Bahan dan Metode

Pengumpulan sekuens DNA

Sekuens DNA barkode *rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS dan *ITS* dari famili Fabaceae diambil di *Genbank* pada *website* NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) untuk analisis barkode DNA. Sekuens DNA dipilih dan dikumpulkan berdasarkan ketersediaan sekuensnya di *Genbank* dalam bentuk format FASTA.

Pensejajaran sekuens DNA

Sekuens DNA disejajarkan menggunakan perangkat lunak MAFFT v.7. (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) dengan pengaturan *default* dan pengaturan disesuaikan secara manual. Hasil sekuens yang sudah disejajarkan diunduh dalam bentuk format FASTA.

Pemotongan sekuens DNA

Pemotongan sekuens DNA dilakukan menggunakan perangkat lunak BioEdit v.7.2. Sekuens DNA dipotong pada bagian awal dan akhir agar sekuens DNA rapi.

Analisis sekuens DNA

Analisis data sekuens DNA dengan *output* komposisi basa, jumlah pasangan basa nukleotida, variasi sekuens DNA dan keanekaragaman genetik pada famili Fabaceae. Analisis ini dilakukan secara bioinformatika menggunakan MEGA 11.

Analisis filogenetik

Analisis konstruksi pohon filogenetik dilakukan menggunakan metode *Neighbor Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menggunakan MEGA 11 dengan *bootstrap* 1000 kali.

Hasil dan Pembahasan

Hasil analisis sekuens

Hasil analisis empat barkode DNA dapat dilihat dari komposisi basa nukleotida (Tabel 1), jumlah pasangan basa nukleotida (Tabel 2), variasi sekuens (Tabel 3) dan keanekaragaman genetik (Tabel 4). Hasil analisis komposisi basa nukleotida empat barkode DNA menunjukkan adanya perbedaan antar barkode, pasangan basa A+T pada *matK* yang paling banyak (69,8) dan *ITS* yang paling sedikit (42,8). Pasangan basa G+C pada *ITS* yang paling banyak (57,3) dan *matK* yang paling sedikit (30,2). Perbedaan komposisi basa pada masing-masing lokus menunjukkan tingkat kestabilan dan proses evolusi yang berbeda.

Tabel 1. Komposisi basa nukleotida empat barkode DNA (*rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS dan *ITS*) pada famili Fabaceae

Barkode	Basa Nukleotida (avg)					
	A	T	G	C	A+T	G+C
<i>rbcL</i>	27,5	29,9	23,2	19,5	57,4	42,7
<i>matK</i>	30,3	39,5	14,4	15,8	69,8	30,2
<i>trnL-trnF</i>	36,6	32,6	14,8	15,9	69,2	30,7
IGS						
<i>ITS</i>	21,7	21,1	29,5	27,8	42,8	57,3

(Ket: rata-rata (avg))

Pasangan basa A+T mudah bermutasi, sedangkan pasangan basa G+C sulit mengalami mutasi. Hal ini dikarenakan pasangan basa G+C lebih stabil dibandingkan pasangan basa A+T. Pasangan basa A+T hanya terikat oleh dua ikatan hidrogen, sedangkan pasangan basa G+C saling terikat oleh tiga ikatan hidrogen (Yanuhar & Caesar, 2023). Maka dari itu, daerah dengan kandungan A+T yang tinggi cenderung mengalami perubahan nukleotida lebih cepat dibandingkan daerah yang kaya G+C (Wang *et al.*, 2022; Xiong *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2023).

Hasil analisis jumlah pasangan basa nukleotida menunjukkan bahwa pada pasangan identik (ii) *matK* yang paling banyak (619) dan *ITS* yang paling sedikit (400). Hal ini menunjukkan bahwa sekuens *matK* masih mempertahankan tingkat kemiripan yang tinggi antarspesies Fabaceae. Jumlah pasangan transisi (si) pada *ITS* yang paling banyak (70) dan *rbcL* yang paling sedikit (20). Jumlah pasangan transversasi (sv) pada *ITS* yang paling banyak (90) dan *rbcL* yang paling sedikit (15). Secara umum,

wilayah *ITS* dikenal memiliki tingkat variasi yang lebih tinggi dan sering digunakan untuk membedakan spesies yang berkerabat dekat (Mishra *et al.*, 2021; Yu *et al.*, 2022).

Tabel 2. Jumlah pasangan basa nukleotida empat barkode DNA (*rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS dan *ITS*) pada famili Fabaceae

Barkode	ii (avg)	si (avg)	sv (avg)
<i>rbcL</i>	577	20	15
<i>matK</i>	619	46	41
<i>trnL-trnF</i>	517	37	54
IGS			
<i>ITS</i>	400	70	90

(Ket: pasangan identik (ii), pasangan transisi (si), pasangan transversasi (sv), rata-rata (avg))

Tingginya jumlah pasangan transisi dan transversasi pada *ITS* menunjukkan bahwa daerah ini mengalami laju evolusi lebih cepat dibandingkan *rbcL* dan *matK*. Pasangan basa identik merupakan urutan basa nukleotida yang sama, sedangkan mutasi merupakan perubahan basa nukleotida pada urutan DNA. Mutasi substitusi atau penggantian basa dapat berupa transisi, yaitu perubahan basa purin ke purin atau pirimidin ke pirimidin, sedangkan mutasi transversasi adalah perubahan purin ke pirimidin atau sebaliknya (Nesan *et al.*, 2023).

Tabel 3. Variasi sekuens empat barkode DNA (*rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS dan *ITS*) pada famili Fabaceae

Barkode	C	V	P	S
<i>rbcL</i>	895 (83,72%)	171 (15,99%)	130	41
<i>matK</i>	499 (64,13%)	279 (35,86%)	236	43
<i>trnL-trnF</i>	686 (57,45%)	449 (37,60%)	363	80
IGS				
<i>ITS</i>	263 (36,17%)	451 (62,03%)	399	47

(Ket: conserved site (C), variable site (V), parsimony site (P), singleton site (S))

Hasil analisis variasi sekuens empat barkode DNA menunjukkan bahwa conserved site tertinggi terdapat pada *rbcL* (83,72%) dan terendah pada *ITS* (36,17%). Variable site tertinggi pada *ITS* (62,03%) dan terendah pada *rbcL* (15,99%). Conserved site merupakan daerah DNA yang terkonservasi dan daerah ini jarang terjadinya mutasi. Variable site merupakan daerah DNA yang bervariasi dan daerah ini lebih sering terjadinya mutasi.

Mutasi dapat mengakibatkan tingginya variasi pada sekuens DNA (Khairani *et al.*, 2024). Tingginya *conserved site* pada *rbcL* menunjukkan gen ini berevolusi relatif lambat dan memiliki stabilitas sekuens yang tinggi. Oleh karena itu, *rbcL* umumnya efektif jika digunakan dalam identifikasi tingkat famili atau genus. Sementara itu, tingginya variasi pada *ITS* digunakan dalam identifikasi tingkat spesies dan analisis hubungan spesies yang berkerabat dekat (Hollingsworth *et al.*, 2021; Kress, 2022; Zhou *et al.*, 2024).

Tabel 4. Keanekaragaman genetik famili Fabaceae berdasarkan empat barkode DNA (*rbcL*, *matK*, *trnL-trnF IGS* dan *ITS*)

Barkode	n	S	θ	π
<i>rbcL</i>	31	171	0,040041	0,033045
<i>matK</i>	31	279	0,089765	0,112442
<i>trnL-trnF IGS</i>	31	449	0,094130	0,076647
<i>ITS</i>	31	451	0,155284	0,219148

(Ket: jumlah sekuens (n), jumlah situs segregasi (S), laju substitusi nukleotida (θ), keanekaragaman (π))

Hasil analisis keanekaragaman genetik famili Fabaceae menunjukkan bahwa jumlah situs segregasi paling banyak terdapat pada *ITS* (451) dan paling sedikit pada *rbcL* (171). Laju substitusi paling tinggi terdapat pada *ITS* (0,155284) dan paling rendah pada *rbcL* (0,040041). Nilai keanekaragaman pada famili Fabaceae paling tinggi berdasarkan *ITS* (0,219148) dan yang paling rendah berdasarkan *rbcL* (0,033045). Dapat dilihat bahwa dari keempat barkode, *ITS* yang paling unggul. Hal ini menunjukkan bahwa wilayah ini memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi, sehingga sangat efektif digunakan dalam mendeteksi variasi genetik antarspesies famili Fabaceae. Didukung juga oleh penelitian Zhou *et al.*, (2024) yang menyebutkan bahwa secara genetik sekuens *ITS* mampu membedakan hubungan interspesifik dan intraspesifik spesies tumbuhan. Sebaliknya, rendahnya nilai pada *rbcL* menunjukkan bahwa barkode ini lebih konservatif dan memiliki keterbatasan variasi genetik (Wardani *et al.*, 2022; Yu *et al.*, 2022).

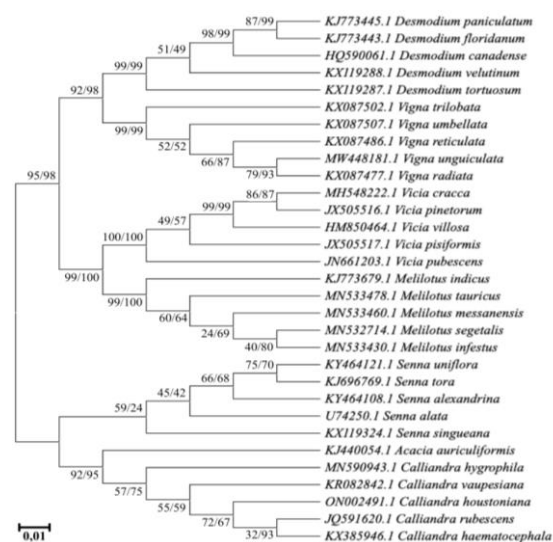
Selain itu, *ITS* merupakan bagian dari nuclear ribosomal DNA (nrDNA) dan tingginya variasi genetik pada wilayah *ITS* berkaitan dengan proses evolusi yang melibatkan *crossing*

over, *gene conversion*, hibridisasi, serta *incomplete concerted evolution*. Proses tersebut dapat meningkatkan resolusi barkode ini dalam analisis taksonomi tumbuhan (Osuna-Mascaro *et al.*, 2022).

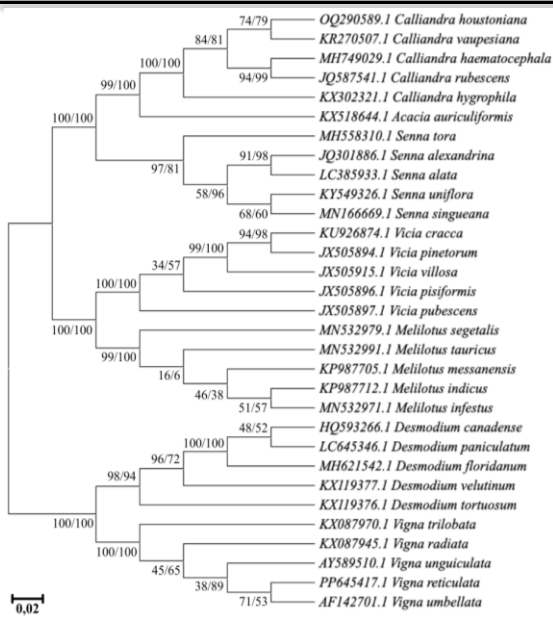
Jumlah situs segregasi menunjukkan banyaknya posisi nukleotida dalam sekuens DNA yang mengalami variasi. Semakin tinggi nilai situs segregasi, semakin banyak variasi genetik yang ditemukan. Laju substitusi nukleotida menunjukkan estimasi kecepatan terjadinya perubahan basa nukleotida dalam sekuens DNA. Keanekaragaman genetik pada penelitian ini menggambarkan variasi genetik dalam famili Fabaceae yang diteliti berdasarkan sekuens empat barkode DNA. Secara umum, keanekaragaman genetik merupakan variasi materi genetik setiap individu dari suatu populasi yang berperan penting dalam kemampuan adaptasi, evolusi, dan kelangsungan hidup suatu spesies (Wang *et al.*, 2022; Xiong *et al.*, 2022; Chung *et al.*, 2023).

Pohon filogenetik

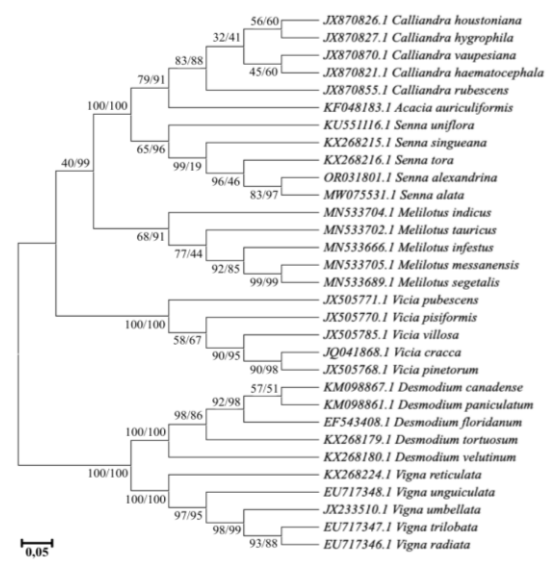
Konstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor Joining Tree* dan *Maximum Likelihood*, *rbcL* (Gambar 1), *matK* (Gambar 2), *trnL-F IGS* (Gambar 3) dan *ITS* (Gambar 4) didapatkan bahwa keempat barkode DNA ini mampu memisahkan genus yang berbeda ke dalam kelompok terpisah dan terbentuk 7 *clade*.



Gambar 1. Pohon filogenetik berdasarkan sekuens DNA *rbcL* dengan metode NJ dan ML, 1000 kali *bootstrap* dan nilai node berturut-turut NJ dan ML



Gambar 2. Pohon filogenetik berdasarkan sekuens DNA *matK* dengan metode NJ dan ML, 1000 kali *bootstrap* dan nilai node berturut-turut NJ dan ML

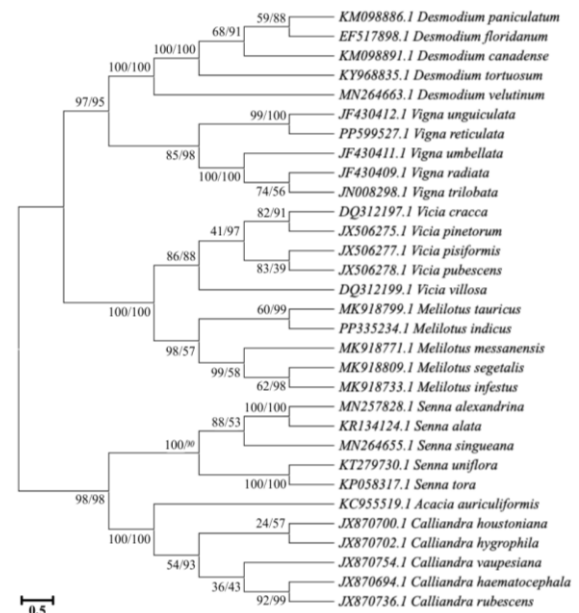


Gambar 3. Pohon filogenetik berdasarkan sekuens DNA *trnL-F* dengan metode NJ dan ML, 1000 kali *bootstrap* dan nilai node berturut-turut NJ dan ML

Konstruksi pohon filogenetik yang dihasilkan dari metode NJ dan ML tidak jauh berbeda. Beberapa penelitian melaporkan bahwa kedua metode tersebut sering menghasilkan pola pengelompokan yang relatif serupa, meskipun menggunakan pendekatan statistik yang berbeda (Nguyen *et al.*, 2022; Zhou *et al.*, 2024). Metode *Neighbor Joining* merupakan metode berbasis jarak genetik yang menggunakan model evolusi tertentu yang menghasilkan konstruksi pohon

filogenetik yang sederhana dan cepat, sedangkan metode *Maximum Likelihood* menganalisis hubungan evolusi secara lebih mendalam dan akurat serta memilih pohon dengan nilai *likelihood* tertinggi (Tao *et al.*, 2023).

Percabangan pohon filogenetik menunjukkan bahwa spesies dalam satu genus membentuk satu cabang sendiri yang tidak bercampur dengan spesies lainnya. Menurut Ardiana *et al.* (2021) menyatakan bahwa *clade* yang terbentuk pada pohon filogenetik dikarenakan adanya kemiripan pada urutan basa nukleotida antar satu spesies dengan spesies lainnya, urutan basa nukleotida yang cenderung sama akan berkumpul membentuk kelompok dalam satu *clade*.



Gambar 4. Pohon filogenetik berdasarkan sekuens DNA *ITS* dengan metode NJ dan ML, 1000 kali *bootstrap* dan nilai node berturut-turut NJ dan ML

Bootstrap yang dilakukan pada konstruksi pohon filogenetik penelitian ini 1000 kali. Semakin tinggi nilai *bootstrap*, maka semakin tinggi pula nilai akurasi dari percabangan pohon filogenetik yang terbentuk (Bramasta *et al.* 2021). Spesies *Acacia auriculiformis* sebagai *outgroup* yang digunakan sebagai pembandingan dan mempertajam pohon filogenetik. *Outgroup* berfungsi sebagai titik referensi untuk menentukan hubungan evolusi dan mengidentifikasi sifat leluhur yang sama (Tao *et al.*, 2023; Zhou *et al.*, 2024).

Kesimpulan

Empat barkode DNA yang dianalisis pada famili Fabaceae yaitu *rbcL*, *matK*, *trnL-trnF* IGS dan *ITS* mampu memisahkan genus pada famili Fabaceae. Diantara keempat barkode DNA yang dianalisis, *ITS* lebih unggul dalam mengidentifikasi famili Fabaceae. Hal ini dapat dilihat dari nilai variasi sekuens, jumlah situs segregasi, laju substitusi nukleotida dan nilai keanekaragaman genetik *ITS* yang tinggi.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih kepada semua pihak yang telah membantu dalam proses penelitian ini.

Referensi

- Akbar, H., Rangkyu, S. M., Siregar, R. J., & Sitanggang, W. P. (2025). Peran dna barcoding dalam identifikasi spesies tanaman langka dalam upaya konservasi keanekaragaman hayati. *Jurnal Saintifik*, 23(2), 209-214. <https://doi.org/10.58222/js.v23i2.444>
- Ardiana, S. A., Astarini, I. A., Putra, I. N. G., Pertiwi, P. D., Sembiring, A., Yusmalinda, A., & 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. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3375>
- Bramasta, R. C., Faiqoh, E., Hendrawan, I. G., Sembiring, A., & Yusmalinda, N. L. A. (2021). Identifikasi hiu yang diperdagangkan di Bali menggunakan metode dna barcoding dan analisis filogenetik. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 7(1), 84-93. <https://doi.org/10.24843/jmas.2021.v07.i01.p12>
- Chika, S., & Zahro, S. (2024). An in silico approach for evolution of *its*, *rbcL*, and *psba-trnH* for dna barcoding of *Eugenia* spp. *Biosfer: Jurnal Tadris Biologi*, 15(1), 153-167. <https://doi.org/10.24042/biosfer.v15i1.21064>
- Chung, M. Y., Merila, J., Li, J., Mao, K., Lopez-Pujol, J., Tsumura, Y., & Chung, M. G. (2023). Neutral and adaptive genetic diversity in plants: an overview. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 11, 1116814. <https://doi.org/10.3389/fevo.2023.1116814>
- Eriawati, Amin, N., Putri, A., & Aisyah. (2025). Diversity of plant family fabaceae in pocut meurah intan great forest park area, aceh besar. *Science Plus*, 1(1), 1-7. <https://doi.org/10.63228/sp.v1i1.1>
- Evelyn, T. N., Widyanti, N. R., Fadhilah, N. N., Arifin, M. Z., & Hidayat, T. (2025). Analisis filogenetik famili zingiberaceae & costaceae berdasarkan penanda *matK* dan *gen parsial*. *Biogenerasi: Jurnal Pendidikan Biologi*, 10(4), 2313-2321. <https://doi.org/10.30605/biogenerasi.v10i4.7827>
- Farhan, A. M., & Ulum, F. B. (2024). In silico study of genus *Marchantia* using *matK* loci for dna barcoding. *Life Science and Biotechnology*, 2(2), 69-73. https://www.researchgate.net/profile/Abdillah-Farhan/publication/389377078_In_Silico_Study_of_Genus_Marchantia_using_matK_loci_for_DNA_Barcoding/links/693e72aca1fd01798907b889/In-Silico-Study-of-Genus-Marchantia-using-matK-loci-for-DNA-Barcoding.pdf
- Hermawan, B., & Lachica, G. (2026). Chloroplast dna barcoding of *Cananga odorata* using *rbcL* and *trnL-f* markers reveals intraspecific genetic structures. *Genet Resour Crop Evol*, 73:76, 1-13. <https://doi.org/10.1007/s10722-025-02685-5>
- Hollingsworth, P. M., Li, D. Z., van der Bank, M., & Twyford, A. D. (2021). Telling plant species apart with dna: from bafcodes to genomes. *Philosophical Transactions of The Royal Society B*, 376(1818), 202001182. <https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0182>
- Idami, Z. (2024). Identifikasi dna barcoding tumbuhan balakka (*Phyllanthus emblica* L.) berdasarkan lokus *gen rbcL*. *Biogenerasi*, 10(1), 541-546. <https://doi.org/10.30605/biogenerasi.v10i1.5145>
- Kamillah, W. O. (2025). Eksplorasi in silico *gen rbcL* pada *Dioscorea alata*: keragaman

- genetik untuk ketahanan pangan masa depan. *Bioma: Jurnal Biologi Makassar*, 10(2), 31-44. <https://doi.org/10.20956/bioma.v10i2.43987>
- Khairani, M., Purba, B. P. W., Umaroh, I. Y., Nabilla, M., & Rifda. (2024). Analisis jurnal variasi genetik makhluk hidup eukariotik. *Jurnal Multidisiplin Ilmu Akademik*, 1(3), 861-871. <https://doi.org/10.61722/jmia.v1i3.1798>
- Kipkiror, N., Muge, E. K., Ochieno, D. M. W., & Nyaboga, E. N. (2022). Dna barcoding markers provide insight into species discrimination, genetic diversity and phylogenetic relationships of yam (*Dioscorea* spp.). *Biologia*, 78, 689-705. <https://doi.org/10.20956/bioma.v10i2.43987>
- Kress, W. J. (2022). Plant dna barcodes: applications today and in the future. *Plants, People, Planet*, 4(3), 215-224. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10233>
- Mishra, P., Kumar, A., Rodrigues, V., & Shukla, A. K. (2021). Utility of its and chloroplast loci in medicinal plant authentication: recent advances. *Industrial Crops and Products*, 170, 113715. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113715>
- Nesan, S. A., Santosa, B., & Kamarudin, M. (2023). Identifikasi mutasi gen kelch 13 penanda resistensi pada *Plasmodium falciparum* dengan pengobatan act setelah 3 hari di Manokwari Papua Barat. *The Journal of Muhammadiyah Medical Laboratory Technologist*, 6(1), 1-17. <https://doi.org/10.30651/jmlt.v6i1.15840>
- Nguyen, L. T., Bui, M. A., & Lanfear, R. (2022). Comparative evaluation of distance and likelihood phylogenetic methods in plant datasets. *Systematic Biology*, 71(4), 889-901. <https://academic.oup.com/sysbio/article/71/4/889/6523412>
- Nova, B., Wardi, E. S., Irwandi, & Sari, A. A. (2026). Barkod dna tumbuhan oegagan (*Centella asiatica* (L) Urban) berdasarkan gen rbcL dan matk. *Jurnal Agrifor*, 25(1), 13-24. <https://doi.org/10.31293/agrifor.v25i1.7569>
- Osuna-Mascaro, C., Rubio, de Casas, R., Berbel, M., Gomez, J. M., & Perfectti, F. (2022). Lack of its sequence homogenization in *Erysimum* species (Brassicaceae) with different ploidy levels. *Scientific Reports*, 12, 16907. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20194-8>
- Risah, & Jannah, M. (2025). Studi in silico potensi dna barcode berdasarkan gen matk, its, dan rbcL serta analisis filogenetik pada anggrek langka *Phalaeonopsis*. *Biotropic The Journal of Tropical Biology*, 9(2), 11-24. <https://doi.org/10.29080/biotropic.v9i2.2343>
- Su'udi, M. (2023). The matk mini-barcode as a potential molecular identification tool for medicinal orchids. *Life Science and Biotechnology*, 1(1), 21. <https://doi.org/10.19184/lbs.v1i1.39851>
- Syahriani, & Hala, Y. (2026). Dna barcoding sebagai inovasi bioteknologi untuk identifikasi dan konservasi tanaman lokal: suatu tinjauan sistematis. *Jurnal Biology Science & Education*, 15(1), 44-60. <https://doi.org/10.33477/bs.v15i1.12116>
- Tao, W., Chen, Y., Huang, X., & Zhang, J. (2023). Advances in rooting strategies and outgroup selection for molecular phylogenetics. *Plants*, 12(8), 1664. <https://doi.org/10.3390/plants12081664>
- Wang, X., Li, Y., Zhang, H., & Chen, J. (2022). Dna barcoding: an efficient technology to authenticate plant species of traditional chinese medicine and recent advances. *Chinese Medicine*, 17, 109. <https://doi.org/10.1186/s13020-022-00655-y>
- Wardani, I. G. A. K., Amandita, F. Y., Moura, C. C. M., Gailing, O., & Siregar, I. Z. (202). Molecular taxonomy via dna barcodes for species identification in selected genera of fabaceae. *Jurnal Pengelolaan Sumber Daya Alam dan Lingkungan*, 12(1), 112-122. <https://doi.org/10.29244/jpsl.12.1.112-122>
- Widiani, N., Winandari, O. P., Kamelia, M., & Nurrohmah, P. (2021). Analisis senyawa hibiscetin kombucha *Rosella* sebagai imunomodulator sel imunokompeten pada penyakit malaria. *Bioedukasi (Jurnal Pendidikan Biologi)*, 12(2), 229.

-
- <https://doi.org/10.24127/bioedukasi.v12i2.4452>
- Xiong, C., Sun, W., Wu, L., Xu, R., Zhang, Y., Zhu, W., Panjwani, H. E. J., Liu, Z., & Zhao, B. (2022). Evaluation of four commonly used dna barcoding loci for *Ardisia* species identification. *Frontiers in Plant Science*, 13, 860778. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.860778>
- Yanuhar, U., & Caesar, N. R. (2023). *Bioteknologi Lingkungan Perairan* (pp: 29). Malang. UB Press. 249 pp.
- Yu, J., Zhang, R., Li, H., & Chen, S. (2022). Comparative performance of its, matk and rbcl for plant species discrimination. *BMC Plant Biology*, 22, 411. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03754-9>
- Zhang, L., Chen, F., Wang, Y., & Zhao, H. (2023). Integrative dna barcode approaches for angiosperm species delimitation. *Molecular Biology Reports*, 50, 6541-6554. <https://doi.org/10.1007/s11033-023-08451-7>
- Zhou, T., Liu, S., Huang, J., & Li, W. (2024). Advances in multilocus dna barcoding for complex plant taxa. *Plants*, 13(5), 711. <https://doi.org/10.3390/plants13050711>