

Original Research Paper

## Diversity of The Araceae Family in The Batutegi Protected Forest, Tanggamus, Lampung Based on Morphological and Molecular Characteristics

Luthfiyyan Nisha<sup>1\*</sup>, Yulianty<sup>1\*</sup>, Ina Erlinawati<sup>2\*</sup>, Sri Wahyuningsih<sup>1</sup>, & Aris Subagio<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lampung, Lampung, Indonesia;

<sup>2</sup>Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Bogor, Indonesia;

<sup>3</sup>Yayasan Inisiasi Alam Rehabilitasi Indonesia (YIARI), Bogor, Indonesia;

### Article History

Received : November 13<sup>th</sup>, 2023

Revised : December 02<sup>th</sup>, 2023

Accepted : January 10<sup>th</sup>, 2024

\*Corresponding Author:

**Luthfiyyan Nisha, Yulianty, Ina Erlinawati**, Program Studi Biologi, Lampung, Indonesia. Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Bogor, Indonesia;

Email:

[luthfiyyann@gmail.com](mailto:luthfiyyann@gmail.com)

[yoelisoeradji@yahoo.co.id](mailto:yoelisoeradji@yahoo.co.id)

[inaerlinawati@gmail.com](mailto:inaerlinawati@gmail.com)

**Abstract:** Indonesia has a tropical climate bordering the equator, so it has a diverse biodiversity. Batutegi Protected Forest, Tanggamus is a lowland rainforest. Plants of tropical flora, including Araceae (taro), has a diversity level of 25% (31 genera) of plants found worldwide. Morphological and molecular characteristics can be used to analyze diversity. The aim of this study was to determine the diversity of Araceae plants based on morphological and molecular characteristics using DNA barcodes in the Batutegi Protected Forest area and the differences in marker genes *matK*, *ITS* and *rbcL* in determining the diversity of Araceae plants. The study was conducted in January-May 2023. Sampling was conducted in Batutegi Reserve Forest Tanggamus, Lampung using the exploration method. Morphological identification was performed through the herbarium collection in Herbarium Bogoriense, while molecular identification was performed using DNA barcoding with three marker genes including *ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase (rbcL)*, *Maturase K (matK)* and an *internal transcribed spacer (ITS)*. Based on the studies conducted, it can be concluded that the Araceae plants found in the Batutegi Protected Forest, Tanggamus of Lampung have appropriate species results in terms of morphological and molecular characteristics. The *matK* marker gene performs better than *ITS* and *rbcL* with evidence of higher amplification success rates and a more informative phylogenetic tree.

**Keywords:** Araceae, batutegi protected forest, diversity, morphology, molecular.

### Pendahuluan

Indonesia dilintasi garis khatulistiwa sehingga mempunyai iklim tropis. Hal ini ditandai dengan curah hujan dan kelembapan yang tinggi (Bago, 2020). Hutan Lindung Batutegi Tanggamus merupakan hutan hujan dataran rendah dengan curah hujan tertinggi pada bulan Desember. Tumbuhan yang beriklim tropis salah satunya suku Araceae (KPHL, 2014). Habitat tumbuhan suku ini sangat dipengaruhi faktor lingkungan seperti suhu dan kelembapan udara (Muslimin, 2019).

Araceae memiliki tingkat keanekaragaman sebesar 25% dari jumlah yang pernah ditemukan di seluruh dunia (Asih *et al.*, 2015). Penelitian keanekaragaman suku Araceae telah dilakukan di beberapa lokasi di Provinsi Lampung, diantaranya terdapat 21 marga dan 26 jenis yang ditemukan di Kebun Raya Liwa, Lampung Barat (Wilyasari *et al.*, 2020), 1 marga dan 2 jenis di Kabupaten Tanggamus (Wakhidah dan Silalahi, 2020), 3 marga dan 3 jenis di Blok Pemanfaatan Sumber Agung Tahura Wan Abdul Rachman Bandar Lampung (Paramita *et al.*, 2019), dan 13 jenis

di Kawasan Hutan Lindung Gunung Pesagi, Lampung Barat (Surya dan Astuti, 2017).

Ciri morfologi dan molekuler mampu digunakan dalam menganalisis suatu keanekaragaman (Arrazate *et al.*, 2017). Ciri morfologi yang digunakan mempunyai kekurangan antara lain memakan waktu, dianggap tidak pasti (sulit mendiskriminasi yang mirip) dan berpengaruh dengan faktor lingkungan (Jinbo *et al.*, 2011; Probojati *et al.*, 2019). Metode lainnya yaitu DNA molekuler dapat diidentifikasi menggunakan kode batang (*barcode*). Metode ini umum digunakan untuk membedakan dan menentukan keanekaragaman filogenetik tumbuhan serta mampu mempercepat dan menyederhanakan identifikasi (Bangol *et al.*, 2014; Moura *et al.*, 2019; Onefeli, 2021).

Penelitian menggunakan ciri morfologi dan molekuler terhadap jenis Araceae belum dilakukan di Hutan Lindung Batutegei Tanggamus sehingga dibutuhkan kajian pada kawasan ini dan menjadi tambahan informasi di Lampung. Penelitian ini bertujuan agar dapat menentukan ragam tumbuhan Araceae berdasarkan ciri morfologi dan molekuler melalui kode batang DNA (*barcode*) di kawasan Hutan Lindung Batutegei, Tanggamus serta memahami perbedaan gen penanda *matK*, *ITS* dan *rbcL* dalam menentukan ragam tumbuhan Araceae.

### Waktu dan tempat

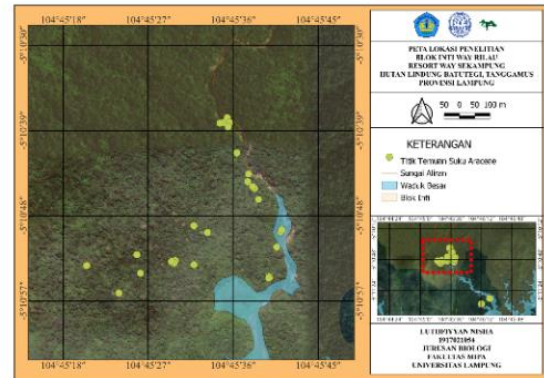
Penelitian dilakukan pada bulan Januari hingga Mei 2023 dengan cara eksplorasi (Rugayah *et al.*, 2005). Tempat penelitian pada Blok Inti Way Rilau, Resort Way Sekampung, Hutan Lindung Batutegei, Tanggamus, Lampung (Gambar 1) dan 2 lokasi Blok Pemanfaatan (Gambar 2). Herbarium tersebut dibuat di Laboratorium Botani, FMIPA, Universitas Lampung. Kegiatan identifikasi & olah data dilaksanakan di Herbarium Bogoriense dan Laboratorium Sistematika Molekuler PRBE, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) Cibinong, Bogor.

### Metode

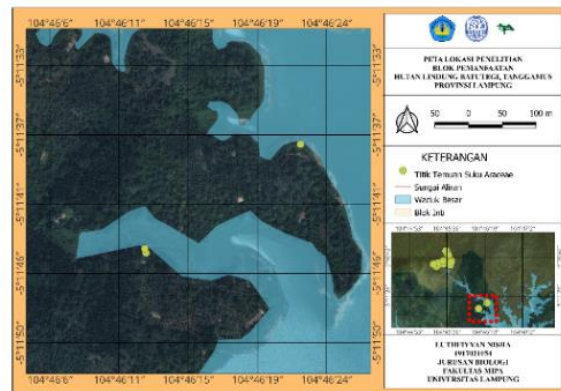
#### Identifikasi sampel

Identifikasi ciri morfologi yaitu mencocokkan sampel yang didapat berdasarkan koleksi spesimen Herbarium Bogoriense dan

literatur serta kajian Araceae sebelumnya serta. Identifikasi ciri molekuler melalui kode batang DNA (*barcode*) dengan gen penanda *matK*, *ITS*, dan *rbcL*.



Gambar 1. Blok Inti Resort Way Sekampung



Gambar 2. Blok Pemanfaatan

### Ekstraksi DNA, amplifikasi PCR, sekuensing

Total DNA genom diekstraksi dari jaringan daun silika gel kering menggunakan modifikasi prosedur ekstraksi Genomic DNA Mini Kit. Gen penanda *matK* diamplifikasi dan disekuensing dengan primer 472F dan 1248R, gen penanda *ITS* diamplifikasi dan disekuensing menggunakan primer Y4F dan Y5R dan gen penanda *rbcL* diamplifikasi dan disekuensing menggunakan primer 1F dan 724R. Semua amplifikasi dilakukan dalam volume *mastermix* 12,5  $\mu$ l, mengandung 2,75  $\mu$ l air deionisasi suling, 2,5  $\mu$ l dNTP, 6,25  $\mu$ l KOD Buffer, 0,375  $\mu$ l (*Forward*), 0,375  $\mu$ l (*Reverse*), 0,25  $\mu$ l Taq (Toyobo) dan 1  $\mu$ l sampel DNA. Semua *mastermix* gen penanda selama 3 menit diinkubasi dengan suhu 95 $^{\circ}$  C, kemudian disiklus 35 kali (1 menit pada suhu 94 $^{\circ}$  C; 1 menit pada suhu 55 $^{\circ}$  C; dan 2 menit pada suhu 72 $^{\circ}$  C), diikuti

dengan ekstensi akhir selama 10 menit pada suhu 72° C. Hasil PCR dievaluasi melalui elektroforesis dengan 1% gel agarosa. Sampel yang teramplifikasi dengan baik dapat dikirim dikirim ke 1<sup>st</sup> BASE Singapura untuk diurutkan.

### Analisis data

Urutan sekuen dianalisis menggunakan program BLAST di *database* DNA *genbank* NCBI. Fragmen sekuen dan konstruksi pohon dianalisis menggunakan *Neighbour-Joining* (NJ) dan *p-distance* menggunakan MEGA 11.

## Hasil dan pembahasan

### Ragam tumbuhan

Penelitian kali ini ditemukan 12 jenis yang termasuk dalam suku Araceae dengan habitat terestrial dan epifit. Jenis tersebut terdiri dari 8 jenis terestrial, dan 3 jenis lainnya epifit. Sebaliknya, 1 jenis lain dapat hidup di keduanya. Marga *Homalomena* dan *Schismatoglottis* paling banyak ditemukan dibandingkan marga lainnya. Karakteristik lingkungan yang berbeda menyebabkan perbedaan jumlah jenis yang ditemukan pada setiap kawasan di Provinsi Lampung.

### Kunci Determinasi

- 1a. Tumbuhan epifit .....2
- 1b. Tumbuhan terestrial dan/atau epifit .....3
- 2a. Bentuk daun jantung dengan lubang pada usia dewasa, pangkal daun berlekuk, ujung daun meruncing ..... *Amydrium medium* (Zoll. & Moritzi) Nicolson
- 2b. Bentuk daun bulat telur, pangkal daun berlekuk/tumpul, ujung daun runcing .....9
- 3a. Pertulangan daun menyirip .....4
- 3b. Pertulangan daun melengkung .....10
- 4a. Bentuk daun anak panah, pangkal lekukan lancip, ujung meruncing .....5
- 4b. Bentuk daun jantung, pangkal daun berlekuk, ujung daun meruncing dan/atau runcing .....7
- 5a. Tinggi tanaman  $\geq 40$  cm, panjang daun  $\geq 16$ , lebar daun paling besar mencapai 22 cm .....6
- 5b. Tinggi tanaman  $\geq 40$  cm, panjang daun  $\geq 16$ , lebar daun paling besar mencapai 15 cm .....8
- 6a. Tulang daun primer berjumlah  $\geq 7$  ..... *Homalomena rostrata* Griff
- 6b. Tulang daun primer berjumlah  $< 7$  ..... *Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott
- 7a. Warna tangkai daun hijau .....11
- 7b. Warna tangkai daun hijau keunguan ..... *Colocasia esculenta* (L.) Schott
- 8a. Susunan daun terdiri dari bagian depan dengan bagian belakang, tulang daun primer berkisar 6, warna tangkai daun hijau bercorak hitam ..... *Alocasia longiloba* Miq
- 8b. Susunan daun terdiri dari bagian depan dengan bagian belakang, tulang daun primer berkisar 6, warna tangkai daun hijau ..... *Alocasia* sp.
- 9a. Pangkal daun berlekuk, tulang daun primer berkisar  $> 7$ , pertulangan daun menyirip, panjang daun  $\geq 10$  cm, lebar daun  $\geq 5$  cm, tinggi tanaman  $\leq 50$  cm, susunan daun bagian depan tanpa bagian belakang ..... *Rhaphidophora lobbii* Schott
- 9b. Pangkal daun tumpul, tulang daun primer berkisar 7, pertulangan daun melengkung, panjang daun  $\leq 10$  cm, lebar daun  $\leq 5$  cm, tinggi tanaman  $\geq 50$  cm, susunan daun terdiri dari bagian depan dengan sedikit bagian belakang ..... *Rhaphidophora* sp.
- 10a. Bentuk daun bulat telur, pangkal daun tumpul, ujung daun runcing-berekor, panjang daun  $< 15$ , lebar daun  $< 10$ , tinggi tanaman dan tangkai daun  $< 50$ , tulang daun primer berkisar antara 7 hingga 12, susunan daun bagian depan tanpa bagian belakang ..... *Scindapsus hederaceus* Miq
- 10b. Bentuk daun jantung, pangkal daun berlekuk, ujung daun meruncing, panjang daun  $< 15$ , lebar daun  $< 10$ , tinggi tanaman dan tangkai daun  $< 50$ , tulang daun primer berkisar 7, susunan daun bagian depan dengan sedikit bagian belakang ..... *Scindapsus rupestris* Ridl
- 11a. Bentuk daun jantung, pangkal daun berlekuk, ujung daun runcing – meruncing, panjang daun berkisar antara 9 hingga 25 cm, lebar daun berkisar antara 3 – 12 cm, tinggi tanaman berkisar antara 20 - 60 cm, tangkai daun  $\geq 15$  cm dengan warna hijau, tulang daun primer berkisar antara 8 hingga 26..... *Schismatoglottis calytrata* (Roxb.) Zoll. & Moritzi

- 11b. Bentuk daun jantung, pangkal daun berlekuk, ujung daun runcing, panjang daun berkisar 16 cm, lebar daun berkisar 9 cm, tinggi tanaman berkisar 40 cm, tangkai daun  $\geq 15$  cm dengan warna merah kecoklatan, tulang daun primer berkisar antara 12 hingga 15 .....*Schismatoglottis* sp.

### Karakter morfologi

*Alocasia longiloba* Miq. - *Fl. Ned. Ind.* 3: 207 (1856).

Terrestrial. Tinggi mencapai 89 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 53 cm, hijau dengan bercak kecoklatan. Daun tunggal, tepi daun rata, memata panah, panjang mencapai 36 cm dan lebar mencapai 11 cm, pangkal berlekuk lancip, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau hingga hijau tua; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 6 hingga 7. Bunga dan buah tidak ditemukan.



Gambar 3. *Alocasia longiloba* Miq

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat aliran sungai jalur siring dan blok pemanfaatan pada ketinggian 287.1 m dpl. *A. longiloba* dapat ditemukan di Hutan tropis, semak belukar, Hutan hujan dan lapisan bawah yang tumbuh kembali, di daerah berawa dan lereng yang dikeringkan dengan baik, terkadang di bebatuan. Ketinggian berada pada kisaran 0–500 m dpl (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Lesser Sunda, Maluku, Sulawesi, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Alocasia* sp.

Terrestrial. Tinggi mencapai 44 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 21 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, memata panah, panjang mencapai 23 cm dan lebar mencapai 15 cm, pangkal berlekuk lancip, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau muda; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 6. Bunga

dan buah tidak ditemukan.



Gambar 4. *Alocasia* sp.

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat aliran sungai jalur siring pada ketinggian 321,7 m dpl. *Alocasia* sp. dapat hidup di hutan basah tropis, hutan hujan pegunungan, dapat berada pada ketinggian 20 – 2900 m dpl (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Lesser Sunda, Maluku, Papua Nugini, Sulawesi, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Amydrium medium* (Zoll & Moritzi) Nicolson – *Blumea* 16: 124 (1968)

Epifit. Tinggi mencapai 44,5 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 20 cm, memanjat seperti akar, hijau muda hingga hijau tua. Daun tunggal, tepi daun *pinnatipartite*, menjantung dengan lubang jika usia remaja, panjang mencapai 21,5 cm dan lebar mencapai 24 cm, pangkal berlekuk, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau muda; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 5 hingga 8. Bunga dan buah tidak ditemukan.



Gambar 5. *Amydrium medium* (Zoll & Moritzi) Nicolson

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan cara hidup memanjat hemiepifit di batang pohon atau merayap di lantai hutan yang berada pada habitat hutan jalur punggungan pada ketinggian 387.1 & 409.7 m dpl. *A. medium* dapat hidup di dataran rendah, menengah lembab, basah primer hingga hutan cemara yang terganggu pada berbagai substrat. 0–450 m dpl. (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Maluku, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Colocasia esculenta* (L.) Schott. – *Melet. Bot.* 18 (1832)

Terrestrial. Tinggi mencapai 45 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 29 cm, memanjat seperti akar, hijau keunguan. Daun tunggal, tepi daun rata, menjantung, panjang mencapai 16 cm dan lebar mencapai 12,9 cm, pangkal berlekuk, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 7. Bunga dan buah tidak ditemukan.

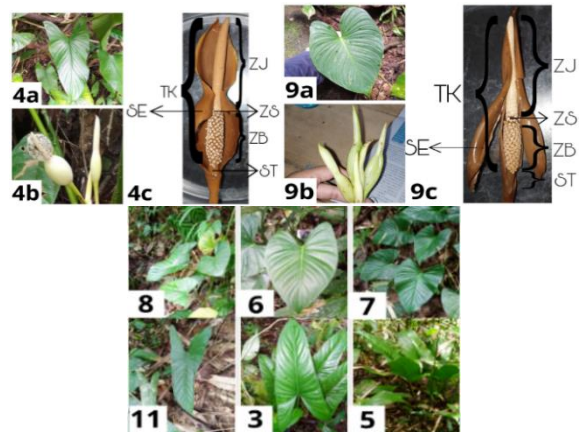


**Gambar 6.** *Colocasia esculenta* (L.) Schott

**Habitat.** Ditemukan di blok pemanfaatan dengan habitat hutan pada ketinggian 274.9 m dpl. *C. esculenta* dapat hidup di parit pinggir jalan, ladang basah, sebagai tanaman dan gulma di lahan yang dibudidayakan dan terganggu. Bentuk liar terjadi sebagai koloni di tepi sungai, di tempat berawa terbuka, di lereng dan di bebatuan dan tepian di zona percikan air terjun. Sangat jarang ditemukan di hutan di bawah tingkat (misalnya di Taman Nasional Kerinci Seblat, Sumatra) (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Lesser Sunda, Maluku, Nusa Tenggara Barat, Sulawesi, Sumatra, Papua Barat, dan Papua Nugini (Haigh *et al.*, 2011).

*Homalomena rostrata* Griff. – *Not. Pl. Asiat.* 3: 154 (1851)

Terrestrial. Tinggi mencapai 50 - 84 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 30 - 56 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, memata panah, panjang antara 16,3 hingga 33 cm dan lebar antara 5,2 - 22 cm, pangkal berlekuk lancip, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau hingga hijau tua; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 12 hingga 17. Bunga uniseksual, seludang 7,5 hingga 9 cm dan tongkol 5,7 hingga 8 cm, stipe 1 cm; panjang zona betina 2,2 hingga 3 cm dan diameter 0,6 hingga 1 cm; panjang zona jantan 3,5 hingga 5 cm dan diameter 0,3 hingga 0,7 cm; panjang zona steril 0,3 hingga 0,5 cm. Buah tidak ditemukan.



**Gambar 7.** *Homalomena rostrata* Griff. TK (Spadix), SE (Spathe), ZS (Zona Steril), ZB (Zona Betina), ZJ (Zona Jantan), dan ST (Stipe); 4a (Morfologi daun dari kode sampel 4), 4b (Morfologi bunga dari kode sampel 4), 4c (Struktur bunga dari kode sampel 4); 9a (Morfologi daun dari kode sampel 9), 9b (Morfologi bunga dari kode sampel 9), 9c (Struktur bunga dari kode sampel 9). Seluruh kode sampel merupakan jenis yang sama.

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat hutan jalur habituasi 342, 338,4 dan 386,1 m dpl, habitat hutan jalur punggungan 338,3 dan 339,2 m dpl, habitat hutan jalur kolam 318 m dpl sedangkan habitat dekat aliran sungai jalur siring 377,4 dan 328,7 m dpl. *H. rostrata* dapat hidup pada hutan rawa, tepi hutan, air tawar atau rawa gambut, seringkali tetapi tidak secara eksklusif di bawah sinar matahari penuh (Wong *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Maluku, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Rhaphidophora lobbii* Schott. – *Prodr. Syst. Aroid.*: 379 (1860)

Epifit. Tinggi mencapai 49,5 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 9 hingga 20 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, bulat telur, panjang mencapai 24,5 cm dan lebar mencapai 9,2 cm, pangkal tumpul, ujung runcing, mempunyai bagian depan (anterior) namun tidak mempunyai bagian belakang (posterior), hijau hingga hijau tua; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 8 hingga 9. Bunga dan buah tidak ditemukan.



Gambar 8. *Rhaphidophora lobbii* Schott

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat aliran sungai pada ketinggian 328,3 m dpl. *R. lobbii* dapat hidup di hutan tropis lembab, jarang di hutan terbuka, rawa, tepi sungai; memanjat hemiepifit, epifit *acaulescent* rosulat, *rhizomatous terrestrials*, litofit (juga di tebing, helofit, sebagian besar menyukai naungan, terkadang tegak hingga *pachycaul arborescent* (Mayo *et al.*, 1997). **Distribusi.** Borneo, Jawa, Sulawesi, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Rhaphidophora* sp.

Epifit. Tinggi mencapai 56 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 0,5 cm, hijau muda. Daun tunggal, tepi daun rata, bulat telur, panjang mencapai 8 cm dan lebar mencapai 4,5 cm, pangkal berlekuk, ujung runcing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau; pertulangan melengkung, pertulangan primer berkisar 7. Bunga dan buah tidak ditemukan. **Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat aliran sungai jalur siring pada ketinggian 378,1 dan 328,8 m dpl. *Rhaphidophora* sp. dapat ditemukan di hutan dipterocarp dataran rendah yang terganggu, hutan perbukitan bawah dan atas, hutan pra-

pegunungan dan pegunungan basah, di atas granit, batu pasir, tanah liat dan batu kapur, kadang-kadang di hutan rawa air tawar. Jenis ini dapat hidup pada ketinggian 10–1700 m dpl (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Bali, Jawa, Kalimantan, Maluku, Sulawesi, Sumatra, Papua Barat, dan Papua Nugini.



Gambar 9. *Rhaphidophora* sp.

*Schismatoglottis calyptrata* (Roxb.) Zoll. & Moritzi – *Syst. Verz.* 83 (1846)

Terrestrial. Tinggi mencapai 24 hingga 60 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 15 hingga 44 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, menjantung, panjang mencapai 9 hingga 24,5 cm dan lebar mencapai 3,8 hingga 12 cm, pangkal berlekuk, ujung runcing dan meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau tua, variasi warna dan corak; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 8 hingga 26. Bunga dan buah tidak ditemukan.



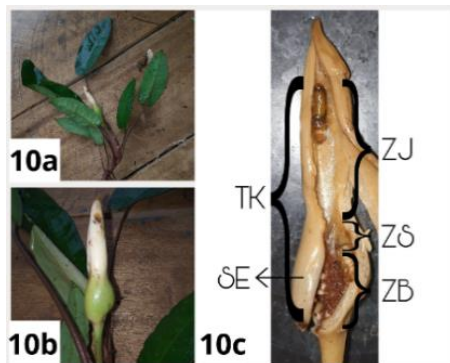
Gambar 10. *Schismatoglottis calyptrata* (Roxb.) Zoll. & Moritzi. Seluruh kode sampel merupakan jenis yang sama.

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat dekat aliran sungai jalur siring pada ketinggian sekitar 378 m dpl. *S. calyptrata* dapat

hidup di hutan tropis lebat, tumbuhan bawah hutan, di bebatuan, dan biasanya di dekat sungai atau air terjun atau di lereng yang sangat lembab, sering membentuk tegakan yang melimpah, dapat berada pada ketinggian 200-1400 m. Hutan dataran rendah yang lembab hingga selalu hijau (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Maluku, Sulawesi, Sumatra, Papua Barat, dan Papua Nugini (Haigh *et al.*, 2011).

*Schismatoglottis* sp.

Terrestrial. Tinggi mencapai 40 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 24 cm, merah kecoklatan. Daun tunggal, tepi daun rata, menjantung, panjang antara 16 cm dan lebar antara 8,7 cm, pangkal berlekuk, ujung runcing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 12 hingga 15. Bunga uniseksual, seludang 7,3 cm dan tongkol 6,5 cm, tidak ada stipe; panjang zona steril 1 cm, panjang zona betina 2 cm dan diameter 1 cm; dan panjang zona jantan 3 cm dan diameter 0,5 cm. Buah tidak ditemukan.



**Gambar 11.** *Schismatoglottis* sp. TK (Spadix), SE (Spathe), ZS (Zona Steril), ZB (Zona Betina), ZJ (Zona Jantan) dan ST (Stipe); 10a (Morfologi daun dari kode sampel 10), 10b (Morfologi bunga dari kode sampel 10), 10c (Struktur bunga dari kode sampel 10). Seluruh kode sampel merupakan jenis yang sama.

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat dekat aliran sungai jalur siring pada ketinggian 378 m dpl. *Schismatoglottis* sp. dapat hidup di hutan lembab tropis, terrestrial, lantai hutan, dan terkadang rheophyte (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Lesser Sunda, Maluku, Papua Nugini, Sulawesi, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Scindapsus hederaceus* Miq. – *Fl. Ned. Ind.* 3 : 185 (1856)

Terrestrial. Tinggi mencapai 23 hingga 47 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 3,5 hingga 8 cm, hijau tua. Daun tunggal, tepi daun rata, bulat telur, panjang mencapai 12 hingga 14 cm dan lebar mencapai 5 hingga 6 cm, pangkal tumpul, ujung runcing dan berekor, mempunyai bagian depan (anterior) namun tidak mempunyai bagian belakang (posterior), hijau; pertulangan melengkung, pertulangan primer berkisar 5 hingga 12. Bunga dan buah tidak ditemukan.



**Gambar 12.** *Scindapsus hederaceus* Miq. Seluruh kode sampel merupakan jenis yang sama.

**Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat hutan jalur kolam pada ketinggian 332,1 dan 364,5 m dpl. *S. hederaceus* dapat hidup di hutan cemara kering, namun jarang di hutan rawa, batupasir ataupun batugamping (Haigh *et al.*, 2011). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

*Scindapsus rupestris* Ridl. – *J. Straits Branch Roy. Asiat. Soc.* 44: 184 (1905)

Epifit dan terrestrial. Tinggi mencapai 36,1 hingga 46 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 5,3 hingga 7,3 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, menjantung, panjang mencapai 6,1 hingga 11 cm dan lebar mencapai 5 hingga 7,7 cm, pangkal berlekuk, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau hingga hijau tua; pertulangan melengkung, pertulangan primer berkisar 7. Bunga dan buah tidak ditemukan. **Habitat.** Ditemukan di blok inti dengan habitat aliran sungai jalur siring pada ketinggian 395 dan 377,9 m dpl. *S. rupestris* dapat hidup di hutan lembab tropis atau hutan kering, gugur atau hijau sepanjang tahun; memanjat *hemiepiphytes*, juga merayap di bebatuan, sering terrestrial ketika

remaja, jarang *rheophytic* (Mayo *et al.*, 1997).  
**Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Sulawesi, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).



**Gambar 13.** *Scindapsus rupestris* Ridl. Seluruh kode sampel merupakan jenis yang sama.

*Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott. – *Melet. Bot.*: 19 (1832)

Terrestrial. Tinggi mencapai 68 cm, tangkai daun (petiol) mencapai 37 cm, hijau. Daun tunggal, tepi daun rata, memata panah, panjang mencapai 31 cm dan lebar mencapai 17 cm, pangkal berlekuk lancip, ujung meruncing, mempunyai bagian depan (anterior) dan bagian belakang (posterior), hijau tua; pertulangan menyirip, pertulangan primer berkisar 6. Bunga dan buah tidak ditemukan.

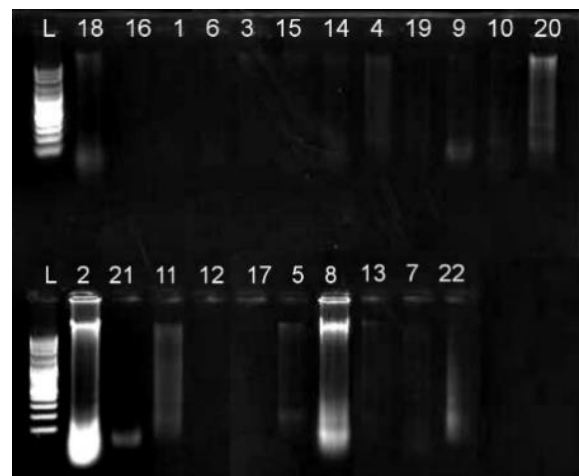


**Gambar 14.** *Xanthosoma sagittifolium* (L.) Schott

**Habitat.** Ditemukan di blok pemanfaatan dengan habitat hutan pada ketinggian 287,4 m dpl. *X. sagittifolium* dapat hidup pada ketinggian 100 – 2000 m dpl. Jenis ini hidup di kondisi basah dan lembab tropis, hutan subtropis; geofit di lantai hutan, di tempat basah, rawa, tepi sungai, lokasi banjir musiman, tempat berumput, dan perkebunan (Mayo *et al.*, 1997). **Distribusi.** Jawa, Kalimantan, Papua, Papua Nugini, dan Sumatra (Haigh *et al.*, 2011).

### Karakter molekuler

Pembaharuan penelitian kali ini adalah tidak hanya fokus meneliti pada satu marga ataupun jenis melainkan dengan tiga gen penanda berbeda dengan fokus pada satu suku Araceae. Penelitian hampir serupa dilakukan oleh Darupamenang *et al.* 2022 dengan menganalisis filogenetik khusus marga *Alocasia* menggunakan gen penanda *matK* dan *rbcL* sedangkan Aprilianingsih *et al.* 2022 melakukan karakterisasi sekuen DNA *ITS* khusus pada *Homalomena pexa*. Luo *et al.* 2009 melakukan penelitian serupa yaitu uji penerapan barcoding DNA pada tanaman obat suku Araceae dengan 5 gen penanda meliputi *matK*, *rpoB*, *rpoC1*, *rbcL*, dan *psbA-trnH*.



**Gambar 15.** Hasil elektroforesis DNA genom Araceae

Keterangan Kode Sampel

1	<i>Amydrium medium</i>	12	<i>Schismatoglottis calyptrata</i>
2	<i>Colocasia esculenta</i>	13	<i>Schismatoglottis calyptrata</i>
3	<i>Homalomena rostrata</i>	14	<i>Rhaphidophora</i> sp.
4	<i>Homalomena rostrata</i>	15	<i>Scindapsus hederaceus</i>
5	<i>Homalomena rostrata</i>	16	<i>Scindapsus hederaceus</i>
6	<i>Homalomena rostrata</i>	17	<i>Scindapsus rupestris</i>
7	<i>Homalomena rostrata</i>	18	<i>Scindapsus rupestris</i>
8	<i>Homalomena rostrata</i>	19	<i>Rhaphidophora lobbii</i>
9	<i>Homalomena rostrata</i>	20	<i>Xanthosoma sagittifolium</i>



10	<i>Schismatoglottis</i>	21	<i>Alocasia</i> sp.
11	<i>Homalomena rostrata</i>	22	<i>Rhaphidophora lobbii</i>

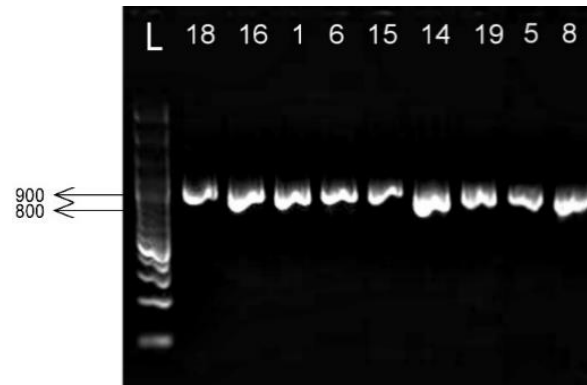
Penelitian ini menggunakan beberapa gen penanda yang dinilai mampu secara universal mengidentifikasi secara molekuler yaitu *rbcL*, *ITS*, dan *matK* dengan teknik DNA barcoding. Seluruh sampel yang diambil dari lapangan diekstraksi DNA nya dan kemudian diamplifikasi menggunakan tiga gen penanda berdasarkan yang digunakan dalam penelitian. Selanjutnya, sampel DNA yang diamplifikasi divisualisasikan melalui elektroforesis (Gambar 15). L (*Ladder*) adalah penanda DNA berdasarkan 1.350 bp. *Ladder* digunakan sebagai pembanding.

DNA genom sampel Araceae berhasil diekstraksi berdasarkan protokol Geneaid Genomic DNA Mini Kit. Kemudian sampel DNA yang telah diekstraksi diuji secara kualitatif dengan memvisualisasikan pita DNA melalui elektroforesis. Terbentuknya pita DNA pada hasil elektroforesis menunjukkan adanya molekul DNA, meskipun masih terdapat *smear* pada seluruh sampel. Sampel kode 2 dan 8 mempunyai pita DNA yang paling tebal dibandingkan sampel lainnya, disusul sampel kode 11, 20, 22, dan 18 yang mempunyai *smear* cukup tebal, sedangkan sampel kode 16, 1, 6, 3, 15, 14, 4, 19, 9, 10, 21, 12, 17, 5, 13, dan 7 mempunyai *smear* tipis. *Smear* yang terlihat lebih sedikit atau tidak ada menunjukkan kualitas DNA yang lebih baik. Berdasarkan hasil yang diperoleh, terbukti seluruh sampel DNA yang diekstraksi dapat diamplifikasi.

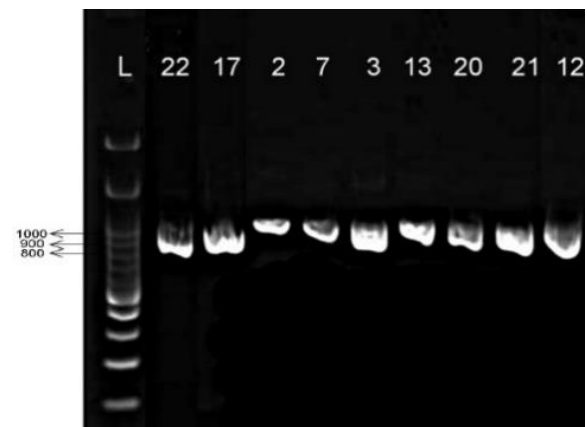
#### **Maturase-K (*matK*)**

Hasil visualisasi menunjukkan bahwa rangkaian DNA yang teramplifikasi dengan baik terlihat dari hasil amplikon yang terbentuk pada 18 sampel, diantaranya kode sampel 18, 16, 1, 6, 15, 14, 19, 5, 8, 22, 17, 2, 7, 3, 13, 20, 21, dan 12 (Gambar 16 dan 17). Ketebalan pita menunjukkan tingkat spesifisitas terhadap wilayah DNA yang ditargetkan (Prakoso *et al.*, 2017). Dari seluruh sampel yang diamplifikasi, dapat disimpulkan bahwa berdasarkan ketebalan pitanya, sampel kode 4, 9, 10, dan 11 tidak dapat diamplifikasi dengan primer gen *matK* sehingga tidak dapat diurutkan (Gambar 18). Tingkat

keberhasilan amplifikasi 22 sampel Araceae menggunakan gen *matK* sebesar 81,82%.



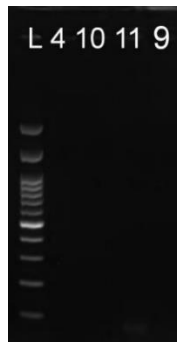
**Gambar 16.** Visualisasi amplifikasi gen *matK* pada sampel kode 18, 16, 1, 6, 15, 14, 19, 5, dan 8.



**Gambar 17.** Visualisasi amplifikasi gen *matK* pada sampel kode 22, 17, 2, 7, 3, 13, 20, 21, dan 12.

Ukuran DNA yang divisualisasikan berdasarkan amplifikasi gen *matK* dari 22 sampel berkisar antara 800-1000 bp. Sampel dengan DNA 800 bp meliputi kode sampel 18, 16, 1, 6, 15, 14, 19, 5, 8, 22, 17, 3, 21, dan 12, sedangkan sampel dengan DNA 900 bp mencakup kode sampel 7, 13, dan 20. Satu sampel mempunyai pita DNA 1000 bp, kode sampel 2. *MatK* mampu menjadi gen penyandi protein (Barthet dan Hilu, 2007). Hal ini mewakili pola evolusi yang tidak biasa dimana tingkat substitusi nukleotida dan asam amino yang lebih tinggi dibandingkan gen *rbcL*, didukung oleh panjangnya  $\pm 1500$  bp. Gen *matK* memiliki tingkat substitusi yang tinggi dengan proporsi yang besar pada tingkat asam nukleat dan rasio transisi/transversi yang rendah (Kumar *et al.*, 2016). Gen ini termasuk kode batang universal untuk tanaman berbunga (Mathew dan Ramesh, 2020). Tingkat akurasi

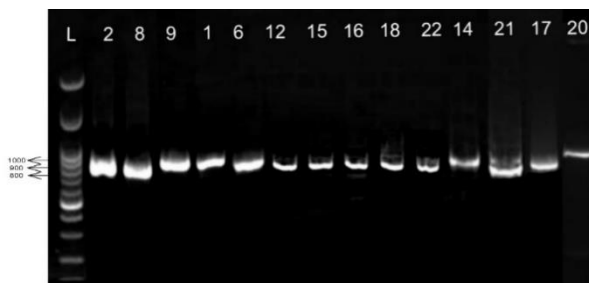
jumlah urutan sekuen yang cocok pada data Genbank mencapai 97,42% (Xu *et al.*, 2015).



**Gambar 18.** Visualisasi amplifikasi gen *matK* pada sampel kode 4, 10, 11, dan 9.

### *Internal Transcribed Spacer (ITS)*

Visualisasi gen *ITS* menunjukkan pita DNA tebal pada 14 sampel, meliputi sampel kode 2, 8, 9, 1, 6, 12, 15, 16, 18, 22, 14, 21, 17, dan 20, menunjukkan kualitas yang baik sehingga dapat diurutkan (Gambar 19), sedangkan kode sampel 3, 4, 5, 7, 10, 11, 13, dan 19 tidak menunjukkan pita DNA (Gambar 20). Tingkat keberhasilan amplifikasi 22 sampel menggunakan gen *ITS* sebesar 63,63%. Ukuran DNA yang divisualisasikan berdasarkan amplifikasi gen *ITS* terhadap 22 sampel berkisar antara 800-1000 bp. Sampel dengan DNA 800 bp meliputi kode sampel 2, 8, dan 21, sedangkan sampel dengan DNA 900 bp mencakup kode sampel 9, 1, 6, 12, 15, 16, 18, 22, 14, dan 17.



**Gambar 19.** Visualisasi amplifikasi gen *ITS* pada kode sampel 2, 8, 9, 1, 6, 12, 15, 16, 18, 22, 14, 21, 17, dan 20.

Satu sampel memiliki 1000 pita DNA bp, kode sampel 20. Gen *ITS* sering digunakan pada tanaman dan memiliki prospek untuk barcoding DNA (Techen *et al.*, 2014) karena kemampuan amplifikasi dan diskriminatif yang sempurna dimana tingginya tingkat variasi pada jenis dengan kerabat dekat (Letchuman, 2018; Zhang

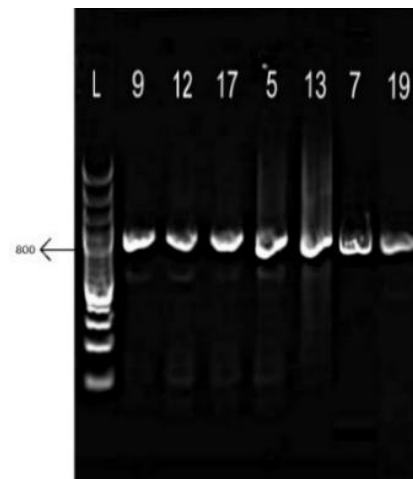
*et al.*, 2013). Rentang panjang urutan DNA  $\pm 1500$  bp (Hollingsworth *et al.*, 2011). Tingkat keberhasilan gen penanda ini mencapai 92,7% pada tingkat jenis (Chen *et al.*, 2010).



**Gambar 20.** Visualisasi amplifikasi gen *ITS* pada kode sampel 3, 4, 5, 7, 10, 11, 13, dan 19.

### *Ribulose 1,5-Biphosphate Carboxylase/Oxygenase (rbcL)*

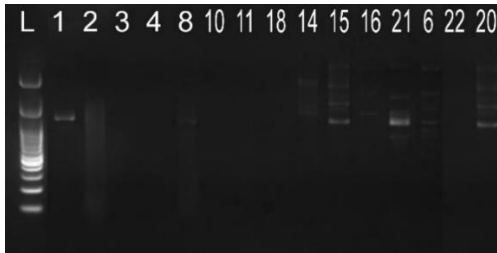
Visualisasi gen *rbcL* menunjukkan pita DNA tebal berukuran 800 bp yang terbentuk pada 7 sampel yaitu sampel kode 9, 12, 17, 5, 13, 7, dan 19, menunjukkan bahwa wilayah tersebut teramplifikasi dengan baik dan dapat dilanjutkan ke langkah selanjutnya, sekuensing (Gambar 21). Sebaliknya sampel kode 1, 2, 3, 4, 6, 8, 10, 11, 14, 15, 16, 18, 20, 21, dan 22 tidak dapat diamplifikasi dengan primer *rbcL*.



**Gambar 21.** Visualisasi gen *rbcL* pada kode sampel 9, 12, 17, 5, 13, 7, dan 19.

Tingkat keberhasilan amplifikasi adalah 31,81%. Protein RuBisCo yang dikode *rbcL* membuat tingkat mutasi *rbcL* paling rendah di antara lainnya akibatnya cukup banyak kemiripan antar jenisnya, dan tidak semua marga

tanaman dapat terdiskriminasi dengan *rbcL* meskipun universal (Cumming *et al.*, 2003; Roy *et al.* 2010). Panjang gen *rbcL* mencapai  $\pm$  1400 bp (Basith, 2015) dan tingkat keberhasilan gen ini mencapai 92% pada tingkat jenis (Bell *et al.*, 2017).



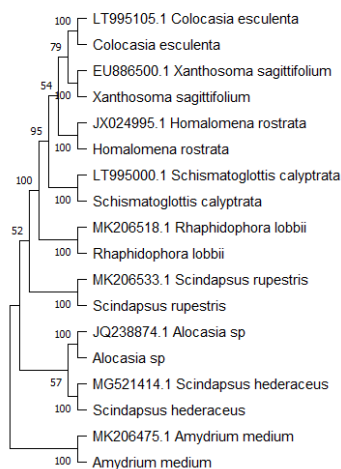
**Gambar 22.** Visualisasi gen *rbcL* pada kode sampel 1, 2, 3, 4, 8, 10, 11, 18, 14, 15, 16, 21, 6, 22, dan 20.

### Konstruksi pohon filogenetik

Seluruh hasil BLAST yang diambil harus mempunyai nilai taksiran (*E-value*) sebesar nol (0), yang mana angka tersebut menunjukkan keselarasan seluruh barisan yang signifikan. Jika nilai E menunjukkan nilai yang tinggi, maka homologi kedua sekuen tersebut rendah, begitu pula sebaliknya (Nugraha *et al.*, 2014). Persentase identitas penelitian ini yaitu 88,18% hingga 99,62%.

### *Maturase-K (matK)*

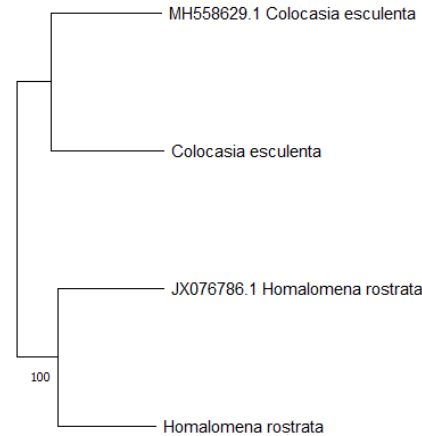
Berdasarkan gen *matK*, pohon filogenetik yang dibuat memiliki sembilan cabang inti dari setiap jenis tumbuhan dari sampel penelitian yang sesuai dengan hasil BLAST database genbank (Gambar 23). Hal ini menunjukkan bahwa gen *matK* mampu digunakan untuk menentukan suku Araceae hingga tingkat jenis.



**Gambar 23.** Pohon filogenetik *Maturase-K (matK)*

### *Internal Transcribed Spacer (ITS)*

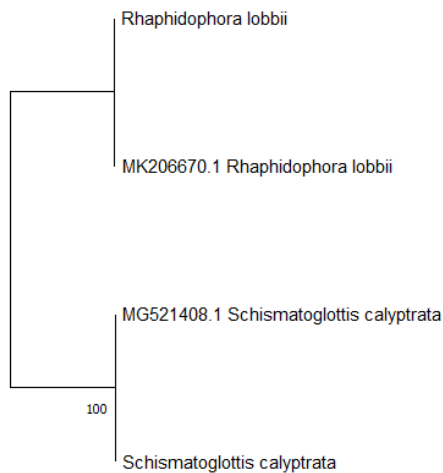
Berdasarkan gen *ITS*, pohon filogenetik yang dibuat memiliki dua cabang utama yaitu *Colocasia esculenta* dan *Homalomena rostrata* (Gambar 24). Hal ini membuktikan bahwa gen *ITS* berhasil membedakan suku Araceae hingga tingkat jenis.



**Gambar 24.** Pohon filogenetik *Internal Transcribed Spacer (ITS)*

### *Ribulose 1,5-Biphosphate Carboxylase/ Oxygenase (rbcL)*

Pohon filogenetik berdasarkan gen penanda *rbcL* (Gambar 25) menghasilkan dua cabang utama yaitu *Rhabdophora lobbii* dan *Schismatoglottis calyprata*, membuktikan bahwa gen *rbcL* berhasil melakukan diskriminasi tingkat jenis pada tumbuhan yang termasuk dalam suku Araceae. Ketiga gen barcode DNA yaitu *matK*, *ITS*, dan *rbcL* pada pohon filogenetik suku Araceae membentuk kelompok sesuai jenisnya berdasarkan sampel tumbuhan dan database bank gen. Hal ini menunjukkan bahwa pada penelitian ini gen penanda *matK*, *ITS*, dan *rbcL* mempunyai kemampuan yang sangat baik dalam mengenali determinasi dan delineasi suku Araceae. Sedangkan gen penanda *matK* dapat memberikan gambaran yang cukup informatif dibandingkan dengan gen *ITS* dan *rbcL* mengenai filogenetik molekuler karena *matK* memiliki beberapa jenis hasil BLAST yang lebih kompatibel dengan sampel tanaman pada penelitian Araceae saat ini. Hasil sejalan dengan Darupamenang *et al.* 2022 dan Luo *et al.* 2009 bahwa *matK* memiliki hasil yang lebih baik dari gen penanda lain yang digunakan.



**Gambar 25.** Pohon filogenetik *Ribulose 1,5-Biphosphate Carboxylase/Oxygenase (rbcL)*

## Kesimpulan

Berdasarkan identifikasi ciri morfologi dan molekuler bahwa tumbuhan yang termasuk dalam suku Araceae di Hutan Lindung Batutegei, Tanggamus, Lampung, telah terkonfirmasi sesuai didukung oleh pohon filogenetik. Kinerja dalam mendiskriminasi paling baik dimiliki oleh *matK* dibuktikan hasil amplifikasi yang lebih baik diantara gen penanda *rbcL* dan *ITS*.

## Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini tidak luput dari kerja sama oleh beberapa pihak diantaranya Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi (PRBE), Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) yang telah memberikan dukungan finansial serta Direktorat KPH Batutegei dan Yayasan IAR Indonesia yang telah memberikan izin penelitian, fasilitas lapangan, dan bantuan. Kami juga berterima kasih kepada anggota tim peneliti/ekspedisi atas bantuan fisik maupun nonfisik selama kerja di lapangan/luar lapangan.

## Referensi

Aprilianingsih, R., Wahidah, B. F. & Hariri, M. R. (2022). DNA Barcode of Homalomena pexa inferred from Internal Transcribed Region. *Jurnal Riset Biologi dan Aplikasinya*. 4 (2): 69-74. DOI:

10.26740/jrba.v4n2.p.69-74

Arrazate, C.H.A., Arrazate, J.A. & Ortiz, S. (2017). Morphological Characterization In Wild Jenis Of Heliconias (*Heliconia* Spp) In Mexico. *American Journal Of Plants Sciences*. 8(6): 1210-1223. DOI: 10.4235/Ajps.2017.86080

Asih, N.P.S., Warseno, T. & Kurniawan, A. (2015). Studi Inventarisasi Araceae di Gunung Seraya (Lempuyang). Karangasem. Bali. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*. 1(3): 521-527. DOI: 10.13057/Psnmbi/M010324

Bago, A.S. (2020). Identifikasi Keragaman Famili Araceae Sebagai Bahan Pangan, Obat, dan Tanaman Hias di Desa Hilionaha Kecamatan Onolalu Kabupaten Nias Selatan. *Journal Education And Development*. 8(4): 695-699. URL: <https://Journal.Ipts.Ac.Id/Index.Php/Ed/Article/View/2423/1362>

Bangol, I., Momuat, L.I., Kumaunang & Maureen. (2014). Gen Penanda DNA Tumbuhan Pangi (*Pangium edule* R.) Berdasarkan Gen *matK*. *Jurnal MIPA UNSRAT*. 3(2): 113-119. DOI: <https://doi.org/10.35799/Jm.3.2.2014.5862>

Barthet, M. M. & Hulu, K. W. (2007). Expression Of *matK*: Functional Dan Evolutionary Implications. *American Journal Of Botany*. 94(8): 1402-1412. DOI: <https://doi.org/10.3732/Ajb.94.8.1402>

Basith, A. (2015). Peluang Gen *RbcL* Sebagai Dna Barcode Berbasis Dna Kloroplas Untuk Mengungkap Keanekaragaman Genetik Padi Beras Hitam (*Oryza Sativa* L.) Lokal Indonesia. *Proceeding Biology Education Conference : Biology, Science, Enviromental, And Learning*. 938-941. URL: <https://jurnal.uns.ac.id/prosbi/article/view/7138/6366>

Bell, K. L., Loeffler, V. M. & Brosi, B. J. (2017). An *RbcL* Reference Library To Aid In The Identification Of Plant Jenis Mixtures By Dna Metabarcoding. *Applications In Plant Sciences*. 5(3): 1-7. DOI: <https://doi.org/10.3732/Apps.1600110>

- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J., Shi, L., Zhu, Y., Ma, X., Gao, T., Pang, X., Luo, K., Li, Y., Li, X., Jia, X., Lin, Y. & Leon, C. (2010). Validation Of The Its2 Region As A Novel Dna Barcode For Identifying Medicinal Plant Jenis. *Plos One*. 5: E8613. DOI: <https://doi.org/10.1371/Journal.Pone.0008613>
- Cumming, M. P., Nugent, J. M., Olmstead, R. G. & Palmer, J. D. (2003). Phylogenetic Analysis Reveals Five Independent Transfer Of The Chloroplast Gene Rbcl To The Mitochondrial Genome In Angiosperms. *Curr Genet*. 43(2): 131-138. DOI: <https://doi.org/10.1007/S00294-003-0378-3>
- Darupamenang, A. S., Kolondam, B. J., Ai, N. S. & Tallei, T. E. (2022). Analisis Filogenetik Genus Alocasia. *Jurnal Bios Logos*. 12 (2) : 157-163. DOI: <https://doi.org/10.35799/jbl.v12i2.42093>
- Haigh, A., Clark, B., Reynolds, L., Mayo, S.J., Croat, T.B., Lay, L., Boyce, P.C., Mora, M., Bogner, J., Sellaro, M., Wong, S.Y. , Kostelac, C., Grayum, M.H., Keating, R.C., Ruckert, G., Naylor, M.F. & Hay, A. (2011). Cate Araceae. Powo.Science.Kew.Org/ (Accessed on May 5, 2023)
- Hollingsworth, P. M., Graham , S. W. & Little, D. P. (2011). Choosing And Using A Plant Dna Barcode. *Plos One*. 6(5): E19254. DOI: <https://doi.org/10.1371/Journal.Pone.0019254>
- Jinbo, U., Kato, T., Ito. & Motomi. (2011). Current Progress In Dna Barcoding And Future Implications For Entomology. *Entomological Science*. 14(2): 107–124. DOI: <https://doi.org/10.1111/J.1479-8298.2011.00449.X>
- Kphl. (2014). *Rencana Pengelolaan Hutan Jangka Panjang Kesatuan Pengelolaan Hutan Lindung (Rphjp Kphl)* Tahun 2014-2023. Uptd Kphl Batutegi. Tanggamus. Lampung
- Kumar, R., Mahadani, P., Kishore, R., Meitei, A. L. & Singh, D. R. (2016). Dna Barcoding Of Indian Orchids. *Technical Bulletin*. No. 48. DOI: <http://dx.doi.org/10.13140/Rg.2.2.15969.61289>
- Letchuman, S. (2018). *Short Introduction Of Dna Barcoding*. ISBN: 978-613-9-86076-0
- Luo, K., Chen, S. L., Chen, K. L., Song, J. Y. & Yao, H. (2009). Application of DNA Barcoding to the Medicinal Plants of the Araceae Family. *Planta Medica*. 75 : p 10. DOI: 10.1055/s-2009-1216448
- Mathew, D. & Ramesh, G. A. (2020). A Universal System For Matk Gene Based Diagnostic Markers To Identify The Jenis In Cucurbitaceae. *Indian Journal Of 30 Holticulture*. 77(4): 733–735. DOI: 10.5958/0974-0112.2020.00106.1
- Mayo, S. J., J. Bogner., P. C. & Boyce. (1997). *The Marga Of Araceae*. Belgium : The European Union
- Moura, Ccd, Brambach, F., Bado, Jh, Krutovsky, Kv, Kreft, H., Tjitrosoedirdjo, Ss, Siregar, Iz. & Gailing, O. (2019). Integrating Dna Barcoding And Traditional Taxonomy For The Identification Of Dipterocarps In Remnant Lowland Forests Of Sumatra. *Plant*. 8(11): 461. DOI: <https://doi.org/10.3390%2fplants8110461>
- Muslimin, R. W. (2019). Jenis dan Kelimpahan Tumbuhan Suku Araceae di Jalur Pendakian Gunung Nokilalaki untuk DImanfaatkan Sebagai Media Pembelajaran. *Skripsi*. Tadulako University
- Nugraha, F., D.I. Roslim., Ardilla, Y.P. & Herman. (2014). Analisis Sebagian Sekuen Gen Ferritin 2 pada Padi (*Oryza sativa*) Indragiri Hulu, Riau. *Biosaintifika*. 6(2): 70–79. DOI: <https://doi.org/10.15294/Biosaintifika.V6i2.3102>
- Onefeli, A.O. (2021). Effectiveness Of Dna Barcoding In Discriminating *Daniellia Ogea* (Harms) Rolfe Ex Holland And *Daniella Oliveri* (Rolfe) Hutch And Dalziel Trees. *Forests Dan People*. 4. 100067. DOI: <https://doi.org/10.1016/J.Tfp.2021.100067>
- Paramita, Widia., Yulianty, Irawan Bambang. & Suratman. (2019). Diversity Of Herbaceous Plant In The Utilization Block Of Sumber Agung Tahura Wan Abdul

- Rachman Bandar Lampung. *Jurnal Ilmiah Biologi Eksperimen Dan Keanekaragaman Hayati*. 6(2): 31–40. DOI: <https://Dx.Doi.Org/10.23960/J-Bekh.V6i2.2380>
- Prakoso, S.P., Wirajana, I.N. & Suarsa, I.W. (2017). Amplifikasi Fragmen Gen 18s Rrna Pada Dna Metagenomik Madu Dengan Teknik Pcr (Polymerase Chain Reaction). *Indonesian Journal Of Legal And Forensic Sciences*. 2(3): 45–47. DOI: <https://Doi.Org/10.24843/Ijlf.2017.V07.I01.P03>
- Probojati, Taufiq, Rasyadan., Didik, Wahyudi. & Hapsari. (2019). Analisis Clustering dan Inferensi Genom Kultivar Lokal Pisang Raja (*Musa* spp.) Asal Pulau Jawa dengan Marker Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Jurnal Keanekaragaman Hayati Tropis dan Bioteknologi*. 4(2): 42–53. DOI: 10.22146/Jtbb.44047
- Roy, S., Tyagi, A., Shukla, V., Kumar, A. & Singh, U.M. (2010). Universal Plant Dna Barcode Loci May Not Work In Complex Groups: A Case Study With Indian Berberis Jenis. *Plos One*. 5(10): E13674. DOI: <https://Doi.Org/10.1371/Journal.Pone.0013674>
- Rugayah., Widjaja, E.A. & Praptiwi. (2005). *Pedoman Pengumpulan Data Keanekaragaman Flora*. Bogor : Pusat Penelitian Biologi. Lipi. ISBN: 979-579-067-6
- Surya, M.I & Astuti, I.P. (2017). Keanekaragaman dan Potensi Tumbuhan di Kawasan Hutan Lindung Gunung Pesagi, Lampung Barat. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*. 3(2): 211–215. DOI: <http://Dx.Doi.Org/10.13057/Psnmbi/M030208>
- Techen, N., Parveen, I., Pan, Z. & Khan, I.A. (2014). Dna Barcoding Of Medicinal Plant Material For Identification. *Current Opinion In Biotechnology*. 25(103): 103-110. DOI: <https://Doi.Org/10.1016/J.Copbio.2013.09.010>
- Wakhidah, A.Z & Silalahi, M. (2020). Inventarisasi Tanaman Pekarangan dan Pemanfaatannya sebagai Bahan Pangan Oleh Masyarakat Tanjungan, di Kabupaten Tanggamus, Lampung. *Journal Of Mathematics And Science Education*. 11(2): 243–256. DOI: <http://Dx.Doi.Org/10.26418/Jpmipa.V11i2.38035>
- Wilyasari, R.S., Yulianty., Zulkifli. & Nurcahyani, E. (2020). Morphological Characteristics Of Araceae Plants In Liwa Botanical Garden, West Lampung. *Jurnal Ilmiah Biologi Eksperimen Dan Keanekaragaman Hayati*. 7(1): 35–40. DOI: <https://Dx.Doi.Org/10.23960/Jbekh.V7i1.13>
- Wong, S.Y., Boyce, P.C. & Fasihuddin, B.A. (2011). Studies on Homalomenae (Araceae) of Borneo III: The helophytic Homalomena of Sunda. *Gardens' Bulletin Singapore*. 62(2): 313-325.
- Xu, S., Li, D., Li, J., Xiang, X., Jin, W., Huang, W., Jin, X. & Luqi, H. (2015). Evaluation Of The Dna Barcodes In Dendrobium (Orchidaceae) From Mainland Asia. *Plos One*. 10(1): 1–12. DOI: <https://Doi.Org/10.1371/Journal.Pone.0115168>
- Zhang, D., Duan, L. & Zhu, N. (2013). Application Of Dna Barcoding In Roscoea (Zingiberaceae) And A Primary Discussion On Taxonomic Status Of Roscoea Cautleoides Var. Pubescens. *Biochemical Systematics And Ecology*. 52: 14-19. DOI: <http://Dx.Doi.Org/10.1016/J.Bse.2013.10.004>