

Mini Review: DNA Barcoding dan Aplikasinya pada Genus *Zingiber* (Zingiberaceae)

Nadhila Hasna Salsabila¹, Annisa¹, dan Irfan Martiansyah²

¹Fakultas MIPA Universitas Padjadjaran

²Kebun Raya Bogor, Pusat Riset Konservasi Tumbuhan, Kebun Raya dan Kehutanan-BRIN

Email: nadhilahasna00@gmail.com

ABSTRACT

Zingiber is a genus in the Zingiberaceae family with about 100–150 described species. *Zingiber* is distributed in the tropics and subtropics, with its distribution centered in the Indo Malayan region and extending through tropical Africa to Central and South America. In Indonesia, the distribution of *Zingiber* is up to 52 species. *Zingiber* is often used as a food, ingredient, spice, condiment, and medicine. However, research on *Zingiber* genetic diversity at the molecular level is limited due to the limited availability of genetic and genomic information. DNA barcoding is one of the molecular techniques used to identify and classify. Many characterizations of genetic resources have been done using morphological characters, but these methods tend to be slow, time-consuming, and labor-intensive. DNA barcoding technology is very helpful in identifying because it is more effective and efficient in conducting plant taxonomic observation/research. In the Zingiberaceae family, especially in the *Zingiber* genus, the marker genes that have been successfully applied are the *matK*, *rbcL*, and *ITS* genes.

Keywords: *Zingiber*; Zingiberaceae; DNA barcoding

ABSTRAK

Zingiber adalah genus yang termasuk ke dalam famili Zingiberaceae dengan jumlah sekitar 100–150 spesies yang telah dideskripsikan. *Zingiber* tersebar di daerah tropis dan subtropis, dengan penyebarannya berpusat di wilayah Indo Malaya dan meluas melalui Afrika tropis hingga Amerika Tengah dan Selatan. Di Indonesia, distribusi *Zingiber* hingga 52 spesies. *Zingiber* sering digunakan sebagai bahan makanan, rempah-rempah, bumbu, dan obat-obatan. Namun, penelitian tentang keragaman genetik *Zingiber* pada tingkat molekuler terbatas karena terbatasnya sediaan informasi genetik dan genomik. Barcoding DNA merupakan teknik molekuler yang digunakan dalam mengidentifikasi dan mengklasifikasikan. Banyak karakterisasi sumber daya genetik yang telah dilakukan dengan menggunakan karakter morfologi, tetapi metode ini cenderung lambat, memakan waktu, dan membutuhkan banyak tenaga. Teknologi DNA Barcoding sangat membantu dalam mengidentifikasi karena lebih efektif dan efisien dalam melakukan pengamatan/penelitian taksonomi tumbuhan. Pada famili Zingiberaceae, khususnya pada genus *Zingiber*, gen penanda yang telah berhasil diaplikasikan yaitu berupa gen *matK*, *rbcL*, dan *ITS*.

Kata Kunci: *Zingiber*, Zingiberaceae, DNA barcoding.

PENDAHULUAN

Zingiberaceae adalah famili tumbuhan dengan jumlah spesies terbanyak pada ordo Zingiberales dan merupakan famili dengan spesies terbanyak, yaitu terdiri atas 52 genus dan 1300 spesies. Tumbuhan yang termasuk ke dalam famili Zingiberaceae banyak ditemukan di tempat yang lembap, baik di daerah tropis maupun subtropis (Sari *et al.*, 2023).

Masyarakat Indonesia mengenal famili ini sebagai jahe-jahean. Tumbuhan yang termasuk dalam famili ini sering kali dimanfaatkan sebagai bumbu masak, obat, rempah-rempah, dan sebagainya. Sampai saat ini, jumlah spesies dari famili Zingiberaceae belum diketahui secara pasti. Distribusi tanaman ini meliputi wilayah Indonesia, Malaysia, Brunei, Singapura, Thailand, dan Filipina. Di Indonesia, daerah yang luas seperti



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komisariat Daerah Jawa Barat 2023

Sumatera dan Kalimantan belum diketahui dan diselidiki lebih dalam mengenai keanekaragaman jenis jahunya (Suriyanto & Dirhamsyah, 2015).

Zingiber adalah salah satu genus dalam famili Zingiberaceae. Genus ini berjumlah sekitar 100—150 spesies yang telah dideskripsikan. *Zingiber* sering digunakan sebagai bahan makanan, rempah-rempah, bumbu, dan obat-obatan. *Zingiber* tersebar di daerah tropis dan subtropis, dengan penyebarannya berpusat di wilayah Indo Malaya dan meluas melalui Afrika tropis hingga Amerika Tengah dan Selatan. Di Indonesia, distribusi *Zingiber* berjumlah hingga 52 spesies. Beberapa *Zingiber* yang tumbuh di Indonesia, antara lain, *Z. acuminatum* Val., *Z. amaricans* Nor., *Z. aromaticum* Val., *Z. cassumunar* Roxb., *Z. gramineum* Bl., *Z. inflexum* Bl., *Z. leptostachyum* Val., *Z. littorale* Val., *Z. macradenium* K. Schum., *Z. macroglossum* Val., *Z. marginatum* Roxb., *Z. odoriferum* Bl., *Z. officinale* Roxb., *Z. ottensii* Val., *Z. papuanum* Val., dan *Z. zerumbet* (L.) J. E. Smith (Marsusi & Listyawati, 2001)

Genus *Zingiber* memiliki karakter pembeda dari genus yang lainnya, yaitu berupa tangkai daun dan *anther crest* yang berbentuk tanduk (*horn-shaped*). Pada tangkai daun, terdapat pembengkakan di bagian pangkal batang yang dikenal sebagai pulvinus (Bai *et al.*, 2015). *Zingiber* dapat dikelompokkan dalam famili Zingiberaceae, ordo Zingiberales, kelas Liliopsida, serta divisi Magnoliophyta (Kress *et al.*, 2002).

Menurut Rugayah *et al.* (2017), terdapat beberapa spesies dari famili Zingiberaceae yang terancam punah. Salah satunya adalah *Zingiber loerzingii*.

Selain itu, Wahyu (2022) menyatakan jika *Zingiber odoriferum* atau jahe liar juga terancam punah. *Z. odoriferum* memiliki nama lokal balakatoa, tolol, dan tongtak (Sunda). Buah dan batang yang masih sangat muda dari tanaman ini dapat dimanfaatkan sebagai bahan (Jansen *et al.*, 2016). Saat ini, *Z. odoriferum* hanya terdapat di satu lokasi saja, yaitu di Sumberjaya, Sukabumi, dan telah menjadi koleksi di Kebun Raya Bogor (KRB).

Berdasarkan kedua hal tersebut, identifikasi sangat diperlukan sebagai upaya konservasi dalam mencegah kepunahan suatu spesies. Identifikasi spesies pada famili Zingiberaceae sangat sulit dilakukan karena morfologi spesies yang sempit, plastisitas fenotipik tanaman, serta siklus pembungaan yang pendek dan musiman (Vinitha *et al.*, 2014). Dalam hal ini, identifikasi secara molekuler sangat diperlukan dalam membantu mengidentifikasi secara mudah, cepat, dan akurat. Sebelumnya, pengurutan basis DNA membutuhkan banyak waktu, tenaga, dan biaya. Akan tetapi, saat ini telah ditemukan suatu teknologi berupa DNA *barcoding* yang dapat dilakukan untuk mengidentifikasi tanaman (Tasma, 2015)

DNA BARCODING

DNA *barcoding* adalah sebuah metode pengidentifikasi spesies dengan menggunakan urutan gen pendek dari genom organisme (Kress *et al.*, 2015). Teknologi ini mampu mengidentifikasi hingga tingkat spesies tanpa menyertakan ciri morfologis (Shuai-Jun *et al.*, 2019). Teknik identifikasi dengan menggunakan DNA *barcoding* telah digunakan secara luas dan memiliki peranan yang sangat penting bagi taksonom, terutama pada analisis spesies langka dan endemik. *Barcode* DNA terdiri atas DNA pendek



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komisariat Daerah Jawa Barat 2023

dengan urutan yang berbeda untuk setiap spesiesnya. DNA *barcoding* merupakan metode yang digunakan dalam menganalisis variasi genetik. Karakteristiknya berupa sekuen DNA pendek yang bersifat ortolog, memiliki variabilitas yang cukup untuk membedakan spesies, dan dapat sedikit berbeda dalam individu dari spesies yang sama (Kress & Erickson, 2007).

DNA *barcode* yang biasa digunakan pada hewan adalah sekuen *barcode* gen *Cytochrome-c Oxidase I* (COI). COI merupakan gen mitokondria yang dapat berperan sebagai gen *marker* dalam pembuatan pohon filogeni (Afifah *et al.*, 2021). Gen COI sudah bersifat universal, berbeda dengan DNA *barcode* tumbuhan yang saat ini tersedia. DNA *barcode* tumbuhan tidak dapat digunakan secara universal karena keragaman pada tumbuhan sangat tinggi. DNA *barcode* dapat didapatkan dari nukleus (nDNA), kloroplas (cpDNA), dan mitokondria (mtDNA). DNA *barcode* inti (nDNA) di antaranya yaitu ITS, 18S, 26S, dan *adh*, sedangkan DNA *barcode* kloroplas (cpDNA) meliputi *rbcL*, *ndhF*, *atpB*, *matK*, dan *rpl16*. Pada masing-masing sekuen, DNA tersebut memiliki karakteristik yang spesifik (Kress & Erickson, 2007).

Pemetaan genetik sering dilakukan untuk mengidentifikasi dan mengarakterisasi lokus. Sejumlah lokus telah dipertimbangkan dan divalidasi sebagai lokus yang ideal untuk tanaman. Lokus utama yang sering digunakan dalam *barcode* tumbuhan yaitu lokus gen *matK* dan *rbcL* (Sagala, 2021). Pada beberapa penelitian, gen *matK* lebih banyak digunakan daripada gen *rbcL*. Hal ini karena gen *matK* dapat membedakan hingga tingkat spesies. Gen ini juga

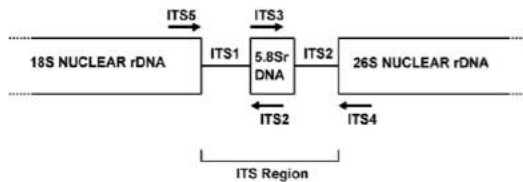
memiliki tingkat evolusi yang tinggi serta urutan sekuen yang lebih bervariasi sehingga gen *matK* dianggap lebih baik dan akurat dalam mengidentifikasi spesies (Julianti *et al.*, 2015). Selain itu, perbedaan dari kedua gen tersebut adalah gen *matK* lebih sulit untuk diamplifikasi. Akan tetapi, gen *matK* memberikan resolusi yang lebih tinggi dalam membandingkan spesies tanaman. Berbeda dengan gen *rbcL* yang mudah untuk diamplifikasi, tetapi memberikan resolusi yang rendah dalam membedakan beberapa spesies yang masih berkerabat dekat (Bangol *et al.*, 2014).

Penggunaan DNA Barcode pada Famili Zingiberaceae

1. Internal Transcribed Spacer (ITS)

Internal Transcribed Spacer (ITS) merupakan marka yang sering digunakan dalam studi filogenetik karena tingginya kemampuan diskriminasi spesies serta teknik amplifikasinya yang mudah (Kress *et al.*, 2015). ITS terletak antara daerah 18S, 5,8S, dan 26S. Antara daerah 18S dan 5,8S, terdapat beberapa ratus pasang basa DNA yang dinamakan ITS1, sedangkan antara daerah 5,8S dan 26S, terdapat daerah ITS2. Gen ribosom tersebut memiliki tingkat konservasi yang sangat tinggi (O'Brien *et al.*, 2005). Dalam rekonstruksi filogenetik, digunakan ITS pada daerah 18S hingga 26S rDNA karena tingkat variasi yang tinggi di daerah tersebut (Soltis & Soltis, 1998). Analisis dengan menggunakan penanda ini dapat digunakan untuk mengevaluasi kekerabatan antarjenis. Penggunaan penanda ini memiliki kelebihan dibandingkan dengan daerah molekuler pada target lain. Hal tersebut karena daerah ITS memiliki 100 ulangan dalam

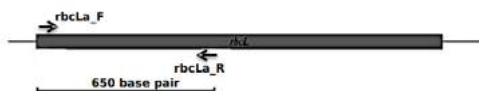
genom sehingga memiliki tingkat sensitivitas yang tinggi (Baldwin *et al.*, 1995)



Gambar 1. Region ITS Target
(Baraket, 2006)

2. *Ribulosa-1,5-Biphosphate Carboxylase/Oxygenase Large Subunit (rbcL)*

Gen *rbcL* merupakan wilayah pengodean gen kloroplas dengan tingkat keberhasilan replikasi yang tinggi pada berbagai spesies tanaman berbunga, gymnospermae, dan kriptogram. Gen ini memiliki variasi yang cukup tinggi untuk membedakan berbagai jenis tanaman (Newmaster *et al.*, 2006). Beberapa keuntungan menggunakan gen ini, di antaranya mudah diamplifikasi dan diurutkan, pada sebagian besar tanaman dianggap sebagai lokus referensi dalam studi filogenetik tanaman untuk mengidentifikasi taksa pada tingkat genus dan famili (Kress & Erickson, 2007). Gen *rbcL* memiliki panjang 1.428 bp dan mengodekan subunit besar Rubisco.

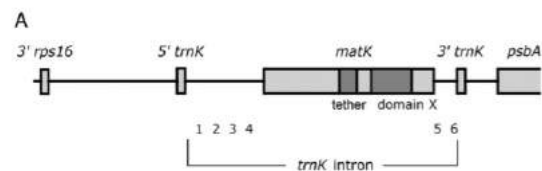


Gambar 2. Diagram sekuen rbcL
(Dong *et al.*, 2014)

3. Gen maturase K (*matK*)

Gen maturase K merupakan marka yang direkomendasikan sebagai lokus untuk DNA *barcoding* (Jacqueline *et al.*, 2016).

Ukuran gen ini adalah 1500 bp. Gen *matK* terletak di antara ekson *trnK* DNA kloroplas (**Gambar 3**). Tingkat substitusi pada gen ini tergolong tinggi dalam spesies dan potensial untuk mempelajari molekuler serta evolusi tanaman pada berbagai tingkatan taksonomi (Selvaraj *et al.*, 2008). Beberapa keunggulan gen *matK* meliputi ukuran gen yang ideal, laju substitusi yang tinggi, dan variasi yang besar dalam tingkatan asam nukleat sehingga dapat digunakan untuk identifikasi tanaman pada tingkat famili sampai spesies



Gambar 1. Daerah matK
(Indah, 2022)

Aplikasi DNA Barcoding pada Genus *Zingiber*

Sagala *dkk* (2021) melakukan penelitian terhadap *Zingiber loerzingii* dengan menggunakan gen penanda berupa *rbcL*. Tujuannya adalah mengetahui keanekaragaman genetik *Z. loerzingii* berdasarkan penajaran dengan 8 spesies Zingiberaceae. Penajaran dengan 8 spesies Zingiberaceae menunjukkan adanya 427 karakteristik yang dapat diamati. Dari 427 karakteristik, terdapat 419 situs yang dilestarikan namun tidak memiliki SNP. Jarak genetik yang didapatkan antara *Z. loerzingii* dengan 8 spesies Zingiberaceae berkisar antara 0,000 hingga 0,019. Perbedaan nilai terendah untuk *Z. loerzingii* dengan nilai jarak genetik 0,000 dan nilai tertinggi pada *Kaempferia*



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komisariat Daerah Jawa Barat 2023

galanga. Jarak genetik antara *Z. loerzingii*, *Lachnanthes caroliniana*, dan *Anigozanthos flavidus* mulai dari 0,059 hingga 0,069. Jarak genetik menunjukkan > 3% yang dapat diartikan jika spesies yang dibandingkan berada pada tingkat taksonomi yang sangat berbeda.

Tabel 1. Jarak Genetik antara *Z. loerzingii* dan Genus *Zingiber*, serta out-group

No Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 (<i>Z. loerzingii</i>)									
2 (<i>Z. loerzingii</i>)									
3 (<i>Z. loerzingii</i>)									
4 (<i>Z. officinale</i>)									
5 (<i>Z. officinale</i>)									
6 (<i>Z. officinale</i>)									
7 (<i>Z. officinale</i>)									
8 (<i>Z. officinale</i>)									
9 (<i>Z. officinale</i>)									
10 (<i>Z. officinale</i>)									

(Sagala, 2021)

Tabel 2. Keragaman Haplotype dan Keanekaragaman Nukleotida

Jumlah	Haplotype	Hd
3	Hap. 1: 4 (IM406701) 1 (<i>Zingiber officinale</i>) 1 (K03478) 1 (<i>Zingiber officinale</i>)	0,7143 (0,0000)

(Sagala *dkk.*, 2021)

Vinitha *et al.* (2014) melakukan penelitian terkait evaluasi sembilan lokus plastid, yaitu *matK*, *rbcL*, *rpoC1*, *rpoB*, *rpl36-rps8*, *ndhJ*, *trnL-F*, *trnH-psbA*, *accD* dan dua lokus inti yang meliputi ITS dan ITS2 pada 20 spesies dari famili Zingiberaceae. Dari penelitian tersebut, didapatkan hasil jika hanya lokus plastid yang menghasilkan urutan dua arah berkualitas baik dan berurutan langsung. Dari 60 aksesi, dilakukan pemulihan urutan ITS dan ITS2 dengan pengurutan langsung hanya dalam 35 dan 40 aksesi. Dari masing-masing tiga aksesi sampel

pada total 8 spesies, menghasilkan urutan ITS dengan sekuensing langsung. *Zingiber odoriferum* hanya memiliki satu aksesi saja. **Tabel 3** menunjukkan karakteristik dari sembilan plastid dan dua lokus nukleus serta **Tabel 4** menunjukkan jika lokus ITS2 menghasilkan persentase rata-rata tertinggi untuk variabilitas antar dan intraspesifik.

Tabel 3. Ukuran amplicon lokus barcode plastid dan nukleus pada spesies Zingiberaceae dan karakteristik urutannya, tunggal dan dalam kombinasi multilokus yang berbeda

Barcode target	Amplicon size (~bp)	Aligned length (bp)	Conserved sites	Variable sites	Parsimony informative sites	Singleton sites
<i>matK</i>	925	718	636	82	76	6
<i>rbcL</i>	950	922	882	40	39	1
ITS ^a	650-750	823	433	369	315	54
ITS ^b	275-325	331	160	181	164	17
<i>rpoC1</i>	620	502	483	19	19	0
<i>rpoB</i>	570	517	475	42	40	2
<i>ndhJ</i>	420	343	327	16	16	0
<i>trnH-psbA</i>	370-400	289	278	11	11	0
<i>rpl36-rps8</i>	550	407	369	28	28	0
<i>accD</i>	300	236	224	12	12	0
<i>trnL-F</i>	400	293	243	49	42	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i>		1,640	1,518	122	115	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>rpoC1</i>		2,142	2,001	141	134	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>rpoB</i>		2,157	1,993	164	155	9
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>ndhJ</i>		1,983	1,845	138	131	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>trnH-psbA</i>		1,939	1,796	133	126	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>rpl36-rps8</i>		2,047	1,887	150	143	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>accD</i>		1,876	1,742	134	127	7
<i>matK</i> + <i>rbcL</i> + <i>trnL-F</i>		1,933	1,761	171	157	14
Nine plastid targets		4,227	3,917	299	283	16

(Vinitha *et al.*, 2014)



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia
(PERIPI) Komisariat Daerah Jawa Barat 2023

Tabel 4. Rata-rata jarak K2P intra dan interspesifik pada lokus plastid dan nukleat pada 60 sampel yang termasuk dalam 20 spesies famili Zingiberaceae

Loci	Mean (%)	
	Interspecific	Intraspecific
matK	2.4 ± 0.5	0.06 ± 0.03
rbcL	0.9 ± 0.3	0.01 ± 0.01
ITS ^a	12.0 ± 1.4	0.92 ± 0.19
ITS ^{2b}	18.8 ± 3.0	1.37 ± 0.37
rpoB	1.8 ± 0.6	0.07 ± 0.04
rpoC1	0.8 ± 0.4	0
accD	0.8 ± 0.4	0
trnH-psbA	0.9 ± 0.5	0.04 ± 0.04
rp136-rps8	1.3 ± 0.5	0
trnL-F	2.4 ± 0.8	0.09 ± 0.07
ndhJ	1.2 ± 0.5	0.03 ± 0.02

(Vinitha *et al.*, 2014)

Selain itu, dilakukan pula pemeriksaan resolusi spesies lokus plastid dalam kombinasi multilokus **Tabel 5**. Semua kombinasi menghasilkan tingkat resolusi spesies yang sebanding dengan yang diberikan oleh matK atau rbcL. Resolusi spesies 75% dihasilkan oleh matK dan rbcL saja di pohon MP dan ML menurun menjadi 70% di sebagian besar kombinasi multilokus.

Tabel 5. Resolvabilitas lokus plastid dan nuklear tunggal dan multilokus, dalam tree-based yang berbeda pada 20 spesies famili Zingiberaceae dan presentase spesies dengan celah barcode menurut dot plot

Barcode target	Model test	Species resolved (%)					Species with barcode gap (%)
		NU ^a	MP	ML ^b	LPCMA ^c	BI ^d	
matK	Tg2	75	75	75	75	70	70
rbcL	Tg2 + G + I	75	75	75	75	70	70
ITS ^b	K2 + G	60	65	60	60	60	70
ITS ^{2c}	GTR + G	60	60	60	60	60	70
rpoB	Tg2	60	60	50	60	60	55
rpoC1	Tg2	45	40	45	45	45	45
accD	Tg2	20	20	20	20	20	20
trnH-psbA	Tg2	20	20	20	20	20	15
rp136-rps8	Tg2 + G	70	70	70	70	70	70
trnL	Tg2	40	50	40	45	45	45
ndhJ	Tg2	40	40	40	40	40	45
matK + rbcL	Tg2 + G	75	70	70	75	70	-
matK + rbcL + accD	Tg2 + G	75	75	70	75	70	-
matK + rbcL + trnA	Tg2 + G	75	75	70	75	70	-
matK + rbcL + ndhJ	Tg2 + G	75	70	70	75	70	-
matK + rbcL + psbA-trnH	Tg2 + G	75	70	70	75	70	-
matK + rbcL + rpoB	Tg2 + G	75	70	70	75	70	-
matK + rbcL + rpoC1	Tg2 + G	75	70	70	75	70	-
matK + rbcL + trnL	Tg2 + G	75	70	75	75	75	-
Nine plastid targets combined	Tg2 + G	75	75	75	75	75	-

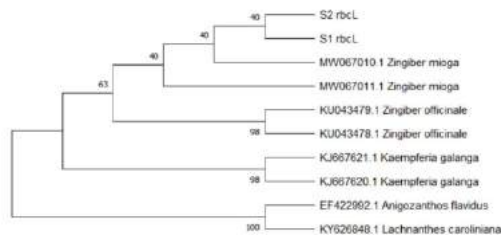
(Vinitha *et al.*, 2014)

Analisis Filogenetik dalam Famili Zingiberaceae

Sebelumnya, analisis filogenetik pada famili Zingiberaceae didasarkan pada perbedaan morfologi, seperti perbedaan komposisi bracteole, jumlah bunga, dan warna petal. Namun, pendekatan tersebut tidak efisien untuk menggambarkan hubungan filogenetik parental (Gao *et al.*, 2008).

Analisis filogenetik yang dilakukan oleh Sagala *dkk.* (2021) memperoleh hasil berupa pohon filogenetik dengan 3 clade yang terpisah dari *out* grup. Analisis ini didasarkan pada lokus gen rbcL yang direkonstruksi dengan menggunakan metode *Neighbour-Joining*. Hasil dari analisis tersebut menunjukkan jika sampel *Z. loerzingii* berada satu klade dengan *Z. mioga* sebagai kelompok monofiletik. Pada klade 2,

terdapat *Z. officinale* dengan nilai bootstrap 98%, dan klade 3, yaitu *Kaempferia galanga*, sedangkan untuk *Lachnanthes caroliniana* dan *Anigozanthos flavidus* merupakan *out-group*.



Gambar 4. Pohon filogenetik berdasarkan urutan lokus gen rbcL *Z. loerzingii* dengan beberapa spesies Zingiberaceae

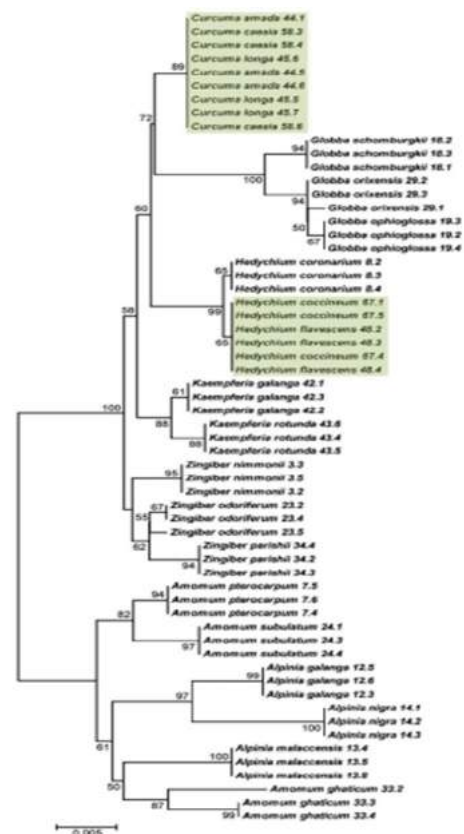
(Sagala, 2021)

Kesimpulan dari penelitian Sagala *dkk.* (2021) yaitu lokus gen pada *Zingiber loerzingii* telah berhasil diamplifikasi dengan panjang nukleotida 576 bp. Jarak genetik dari spesies *Z. loerzingii* dengan spesies lain dan *out-group* berkisar antara 0—0,069. Analisis pohon filogenetiknya berupa 4 klad dengan *Z. loerzingii* terpisah menjadi satu klad tersendiri dengan *Z. mioga* sebagai kelompok monofiletik.

Dalam penelitian Vinita *et al.* (2014) dijelaskan hubungan silsilah antarhaplotipe menggunakan *median-joining network*. Jaringan ini mendukung pengembangan tiga kelompok parafiletik dengan total delapan spesies. Dari 12 spesies tersisa yang pulih secara monofili di pohon filogenetik, lima spesies memiliki urutan ITS yang dihasilkan hanya dengan pengurutan langsung, dan tujuh ITS sisanya dihasilkan hanya dengan kloning (3 spesies) atau keduanya.

Haplotipe dari tujuh spesies hanya berbeda oleh satu atau beberapa nukleotida dan dikelompokkan bersama

menjadi monofili dalam pohon filogenetik **Gambar 5**. Haplotipe terdekat berasal dari spesies yang sama dan bukan dari spesies lain. Sebaliknya, haplotipe ITS dari spesies yang berbeda dalam kompleks spesies berbeda satu sama lain hanya berbeda dalam beberapa mutasi, seperti perbedaan antara haplotipe dalam spesies monofiletik, diproduksi secara parafiletik dalam pohon filogenetik, dan dikelompokkan bersama dalam pohon filogenetik.



Gambar 5. Pohon filogenetik

(Vinita *et al.*, 2014)

KESIMPULAN

Teknologi DNA *barcoding* sangat membantu dalam mengidentifikasi karena lebih efektif dan efisien dalam melakukan pengamatan/penelitian taksonomi



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komisarariat Daerah Jawa Barat 2023

tumbuhan. Namun, penggunaannya tidak menjamin teridentifikasinya suatu tanaman hingga tingkat spesies. Hal tersebut karena terdapat beberapa spesies yang membutuhkan gen penanda lain dalam pengidentifikasiannya. DNA *barcode* tumbuhan yang tersedia saat ini tidak dapat digunakan secara universal. Hal tersebut karena adanya keragaman yang sangat tinggi pada tumbuhan. DNA *barcode* inti (nDNA) yang dapat digunakan, antara lain, ITS, 18S, 26S, dan *adh*, sedangkan DNA *barcode* kloroplas yang dapat digunakan yaitu *rbcL*, *ndhF*, *atpB*, *matK*, dan *rpl16*

DAFTAR PUSTAKA

- Afifah, I., Solihin, D. D., & Sunkar, A. (2021). Karakteristik Molekuler Kelelawar (Microchiroptera), berdasarkan DNA Mitokondria (Gen COI) di Gua Sukabumi dan Sentul Jawa Barat. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*, 14(1), 20–28.
- Bai, L., Leong-Škorničková, J., & Xia, N. H. (2015). Taxonomic studies on Zingiber (Zingiberaceae) in China I: Zingiber *kerrii* and the synonymy of *Z. menghaiense* and *Z. stipitatum*. *Garden Bulletin Singapore*, 67(1), 129–142.
- Baldwin, B. G., Sanderson, M. J., Porter, J. M., Wojciechowski, M. F., Campbell, C. S., & Donoghue, M. J. (1995). The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 247–277.
- Bangol, I., Momuat, L. I., & Kumaunang, M. (2014). *Barcode* DNA tumbuhan pangi (*Pangium edule* R.) berdasarkan gen *matK*. *Jurnal MIPA*, 3(2), 113–119.
- Dong, W., Cheng, T., Li, C., Xu, C., Long, P., Chen, C., & Zhou, S. (2014). Discriminating plants using the DNA *barcode* *rbcL*: an appraisal based on a large data set. *Molecular Ecology Resources*, 14(2), 336–343.
- Indah, S. (2022). *Klarifikasi Status Taksonomi Beberapa Jenis Zingiber Mill. (Zingiberaceae) di Sumatera Barat Berdasarkan Penanda Internal Transcribed Spacer (ITS) dan Maturase K Gen (MatK)*. Universitas Andalas
- Jacqueline, H., HJ, B. M., & Rosabelle, S. (2016). *Universal Multiplexable MatK Primers for DNA Barcoding of Angiosperms*.
- Jansen, P. C. M., Jukena, J., Oyen, L. P. A., & van Lingen, T. G. (2016). *Zingiber odoriferum* Blume. *PROSEA*
- Julianti, E., Pinaria, A., Lengkong, E. F., & Kolondam, B. J. (2015). DNA Barcoding Tanaman Daluga (*Cyrtosperma* spp) dari Kepulauan Sangihe Berdasarkan Gen *matK* (DNA Barcoding Daluga Plant (*Cyrtosperma* spp) of Sangihe Island Based on *matK* Gene). *Jurnal Bios Logos*, 5(2).
- Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2007). A two-locus global DNA *barcode* for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *PLoS One*, 2(6), e508.
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D. L. (2015). DNA *barcodes* for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(1), 25–35.
- Kress, W. J., Prince, L. M., & Williams, K. J. (2002). The phylogeny and a new classification of the gingers



Seminar Nasional Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komisarariat Daerah Jawa Barat 2023

- (Zingiberaceae): evidence from molecular data. *American Journal of Botany*, 89(10), 1682–1696.
- Marsusi, S. A. D., & Listyawati, S. (2001). Studi kemotaksonomi pada genus Zingiber. *Jurnal Biodiversitas*, 2(1), 92–97.
- Newmaster, S. G., Fazekas, A. J., & Ragupathy, S. (2006). DNA barcoding in land plants: evaluation of rbcL in a multigene tiered approach. *Botany*, 84(3), 335–341.
- O'Brien, H. E., Parrent, J. L., Jackson, J. A., Moncalvo, J.-M., & Vilgalys, R. (2005). Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(9), 5544–5550.
- Rugayah, K. S. Y., Arifiani, D., Rustiami, H., & Girmansyah, D. (2017). *Tumbuhan langka Indonesia: 50 jenis tumbuhan terancam punah*.
- Sagala, L. R. (2021). *Penentuan Barcode DNA Berdasarkan Lokus Gen rbcL Pada Zingiber Loerzingii Valetton*. Universitas Islam Negeri Sumatera Utara.
- Sari, A. P., Rahman, S. R., Sanawiah, S., & Nurdin, M. R. T. J. P. (2023). Identifikasi dan Karakterisasi Rumbuhan Familia Zingiberaceae di Desa Budong-Budong Kabupaten Mamuju Tengah. *Celebes Biodiversitas: Jurnal Sains Dan Pendidikan Biologi*, 6(1), 54–62.
- Selvaraj, D., Sarma, R. K., & Sathishkumar, R. (2008). Phylogenetic analysis of chloroplast matK gene from Zingiberaceae for plant DNA barcoding. *Bioinformation*, 3(1), 24.
- Shuai-Jun, H. U., Hao-Yu, H. U., Han, G. A. O., Xia, L. I. U., & Shi-Lin, C. (2019). DNA barcoding and rapid identification of the precious herb Herba Anoectochili. *Chinese Journal of Natural Medicines*, 17(10), 738–745.
- Soltis, D. E., & Soltis, P. S. (1998). Choosing an approach and an appropriate gene for phylogenetic analysis. *Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing*, 1–42.
- Suriyanto, I., & Dirhamsyah, M. (2015). Identifikasi jenis jahe-jahean liar (zingiberaceae) di kawasan hutan lindung gunung ambawang kecamatan kubu kabupaten kubu raya. *Jurnal Hutan Lestari*, 4(1).
- Tasma, I. (2015). *Pemanfaatan teknologi sekuensing genom untuk mempercepat program pemuliaan tanaman*.
- Vinitha, M. R., Kumar, U. S., Aishwarya, K., Sabu, M., & Thomas, G. (2014). Prospects for discriminating Zingiberaceae species in India using DNA barcodes. *Journal of Integrative Plant Biology*, 56(8), 760–773.
- Wahyu, R. (2022). *Prihatin! Tumbuhan Non-Ikonik Punah Sebelum Diketahui Manfaatnya*.