

Analisis Variasi Genetik pada Genus *Helianthus* (*Asteraceae*) Berdasarkan Penanda Gen *rbcl*

Adelia Yudiana Alfauz¹, Ervina Anggraini¹, Revanda Widya Putri¹, Laela Fitria¹, Agus Muji Santoso¹

¹Progam Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Ilmu Kesehatan dan Sains, Universitas Nusantara PGRI Kediri

* Penulis korespondensi: adeliyudiana15@gmail.com

ABSTRACT

Genetic variation analysis aims to determine biodiversity at the genetic level and support the search for superior seeds in plant breeding programs. This study aimed to determine genetic variation in the *Helianthus* genus based on the *rbcl* gene. The method used was a descriptive, exploratory approach. The research began by downloading the *rbcl* gene DNA sequence from the *Helianthus* genus through the GenBank database on the NCBI website. Next, sequence alignment was performed using BioEdit version 7.2.5 software to identify sites of genetic variation. Based on the alignment results of 22 *rbcl* gene DNA sequences, 16 sites of genetic variation were identified in the *Helianthus* genus with potential molecular markers.

Key words:

rbcl, chloroplast DNA, RuBisCO, genetic variation, *Helianthus*, BioEdit.

Riwayat artikel

Diterima:16/11/2025

Diperbaiki:-

Terbit:8/5/2026

PENDAHULUAN

Famili *Asteraceae* merupakan famili tumbuhan yang tersebar luas di seluruh dunia dengan jumlah 1.620 genus dan memiliki lebih dari 23.600 spesies. Ada beberapa genus dalam famili *asteraceae* memiliki jumlah spesies yang cukup banyak di antaranya adalah genus *Senecio* (1000 spesies), *vernonia* (1000 spesies), *centaurea* (700 spesies), *Cousinia* (600 spesies), *Helichrysum* (550 spesies), dan *Artemesia* (550 spesies) (Broholm *et al.*, 2014). Namun demikian genus yang memiliki sebaran tergolong cukup banyak adalah genus *Helianthus*, genus ini memiliki banyak manfaat dalam kehidupan manusia. *Helianthus annuus* (bunga matahari biasa) adalah salah satu spesies paling sering kita jumpai dalam kehidupan sehari-hari dan dikenal luas sebagai sumber biji penghasil minyak dan protein.

Helianthus memiliki keragaman genetik tinggi dan tersebar luas di berbagai wilayah di dunia khususnya di Amerika utara, Amerika Selatan dan Eropa. Beberapa spesies dari genus *Helianthus* memiliki banyak manfaat diantaranya: sebagai penyembuh luka, antidiare, antioksidan, antihistamin, antiinflamasi, analgesik, serta sebagai antikanker (*H. annuus*), sumber makanan dan perlindungan berbagai satwa liar serta untuk stabilisasi tanah dan reklamasi lahan (*H. maximilian*), sumber ketahanan terhadap penyakit busuk putih dan layu (*H. giganteus*), sebagai sumber biomassa untuk produksi bioetanol serta berbagai manfaat nutrisi dan industri lainnya (*H. tuberosus* L.), digunakan sebagai stabilisasi pasir bukit, perlindungan dari erosi angin,

dan penghias pantai (*H debilis*), sebagai sumber genetik penting untuk membuat bunga matahari meningkatkan ketahanan budidaya terhadap kekeringan, tanah berpasir, dan penyakit (*H niveus*) dan pada ligula berwarna merah di pangkalnya dan batang yang lebih merah tua, berbeda dari bentuk biasa yang berwarna kuning keemasan dan batang berwarna lebih cerah, serta muncul secara sporadis di alam Louisiana, menunjukkan variasi kimia dan genetik yang menarik, serta sulit dipelihara dan dikembangkan secara panjang karena karakteristik khusus ini (*H angustifolius*). Menghasilkan ekstrak Gula dan Resin untuk kebutuhan Industri (*H ciliaris*), menghasilkan Hidrokarbon berupa karet, Gutta-percha dan lilin sebesar 16g/kg (*H californicus*).

Keanekaragaman genetik memiliki peran penting dalam peningkatan kualitas dan produktivitas tanaman, termasuk bunga matahari. Dalam program pemuliaan, informasi mengenai keragaman gen dan heritabilitas sangat dibutuhkan untuk menyeleksi sifat unggul yang akan dikembangkan (Purwati & Herwati, 2016). Selain sebagai dasar pemuliaan, keragaman gen juga berperan dalam konservasi sumber daya genetik, baik secara in-situ maupun ex-situ, guna mencegah hilangnya varietas penting akibat perubahan lingkungan. Di sisi lain, keragaman ini menjadi sumber daya bagi penelitian dan inovasi, karena memungkinkan penemuan gen baru dan pemahaman lebih dalam terhadap mekanisme biologis tanaman. Salah satu cara untuk menambah keragaman genetik adalah melalui mutasi, seperti penyinaran sinar gamma, yang dapat memicu perubahan pada tingkat gen, kromosom, hingga DNA, sehingga menghasilkan variasi baru yang berpotensi menjadi varietas unggul. Untuk melihat sebuah variasi genetik saat ini tidak bisa hanya mengandalkan pengamatan morfologi, karena keadaan beberapa tanaman hanya bisa diamati ketika telah berbunga atau dewasa, sehingga bisa membutuhkan waktu yang lebih lama untuk pengamatannya. Seiring dengan kemajuan pesat biologi molekuler (DNA barcode) Gen COI untuk identifikasi secara molekuler khususnya pada hewan, sedangkan ITS, matK dan rbcL untuk tumbuhan (Rahayu et al. 2019). *The Consortium for the Barcode of Life* (CBOL) merekomendasikan penggunaan dua gen plastida rbcL dan matK sebagai barcode standard (Hollingsworth et al. 2009). Gen rbcL (*ribulose 1,5 biphosphate carboxylase large*) merupakan gen yang terdapat pada organel kloroplas (Putri Triesita et al., 2018, 165). Gen *rbcL* dapat diamplifikasi dengan tingkat keberhasilan tinggi dari satu atau dua macam primer universal. Lebih lanjut dikemukakan jika dibandingkan dengan kandidat gen barcode yang lain, gen rbcL memiliki tingkat keberhasilan *bidirectional sequencing* (proses sequencing dua arah dengan primer *forward* dan *reverse*) yang tinggi (Fazekas et al. 2008). Informasi tentang keanekaragaman genetik yang diperoleh dari analisis DNA juga berguna dalam penentuan hubungan kekerabatan antar individu atau antar populasi yang diteliti. Informasi ini dapat digunakan sebagai dasar dalam perbaikan kualitas genetik tanaman melalui pemuliaan tanaman yang terprogram dengan baik.

Selain itu data yang diperoleh dapat memberikan dasar molekuler yang kuat untuk mendukung taksonomi dan konservasi spesies dalam genus ini, khususnya bagi spesies yang langka atau terancam punah. Kajian terhadap variasi genetik merupakan aspek fundamental dalam upaya pemuliaan tanaman karena menyediakan dasar ilmiah dalam pemilihan sumber daya genetik yang optimal. Dengan memahami tingkat keragaman dan pola distribusi sifat-sifat genetik di antara populasi tanaman, pemulia dapat mengidentifikasi aksesori yang memiliki potensi untuk dikembangkan menjadi varietas unggul yang sesuai dengan kebutuhan agronomi maupun industri (Santos et al., 2012; Singh et al., 2019). Keanekaragaman gen dalam genus ini sangat penting untuk mendukung pengembangan varietas tanaman yang memiliki adaptabilitas

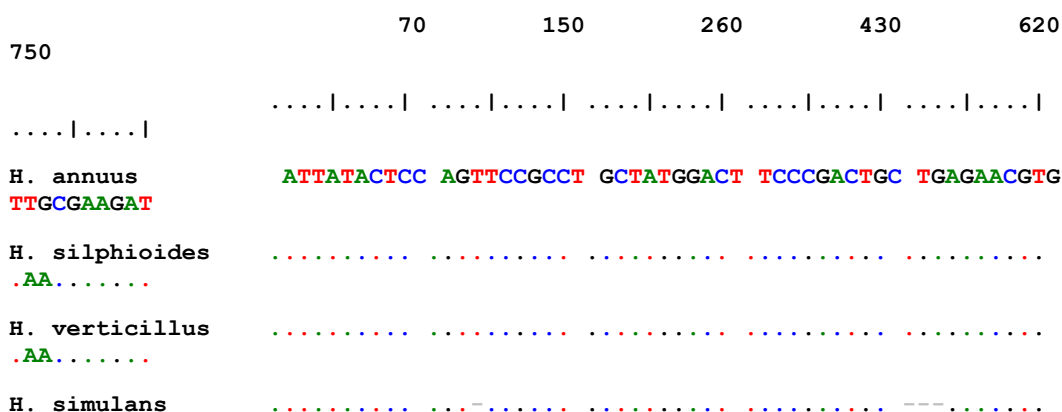
terhadap berbagai stres lingkungan seperti kekeringan dan salinitas serta untuk terus menggali dan memanfaatkan potensi besar tanaman dalam berbagai bidang. Secara keseluruhan, penelitian ini menunjukkan bahwa keragaman morfologi yang ada di antara aksesori ini merupakan dasar penting dalam memperoleh variasi genetik yang luas untuk dipakai dalam kegiatan pemuliaan dan konservasi tanaman bunga matahari. Data ini juga esensial dengan kebutuhan pengembangan varietas yang adaptif dan memiliki sifat unggul, serta untuk memastikan keberlanjutan sumber bahan genetik *Helianthus* untuk masa depan (Kornel & Razzaq, 2019)

Tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengetahui variasi gen pada berbagai spesies dalam genus *Helianthus* berdasarkan Gen *rbcl*. Riset ini diharapkan dapat memberikan pemahaman mengenai hubungan kekerabatan antar spesies *Helianthus*. Lalu juga memberikan dasar untuk studi lanjut bagaimana variasi urutan gen *rbcl* berkorelasi dengan adaptasi atau ekologi pada *Helianthus* di berbagai habitat.

METODE

Pada penelitian ini menggunakan pendekatan deskriptif eksploratif untuk menganalisis variasi gen *rbcl* pada genus *Helianthus* berbasis database. Penelitian ini terbagi menjadi empat tahap antara lain, yang pertama mengunduh data urutan DNA gen *rbcl* genus *Helianthus* yang diperoleh dari basis data publik *GenBank* melalui situs NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dan data urutan DNA diunduh dan disimpan dalam format *fasta*. Kedua proses analisis data diawali dengan penyelarasan (*alignment*) urutan DNA *rbcl* menggunakan perangkat lunak BioEdit versi 7.2.5. Tahap ketiga yaitu proses analisis variasi gen data urutan dan menerapkan algoritma “*view conservation by plotting identities to a standard as a dot*” selanjutnya klik *accessory application* lalu klik *clustalW multiple alignment*, klik *Run clustalW* dan menerapkan algoritma “*view conservation by plotting identities to a standard as a dot*”. Kemudian pada pilihan file pilih “*Graphic View*”, setelah keluar tampilan baru ubah “*Residues per row*” dari nomor 120 menjadi nomor 60. Setelah diubah, beri centang pada bagian *Titles on left*, *Titles Bold*, *Sequences Bold*, *Sequences in color*, *number right of seqs*, *Show Ruler*, dan *Ruler Bold*. Selanjutnya pada ke tahap keempat yaitu visualisasi variasi gen antara urutan dengan cara memperbesar tampilan layar, kemudian klik file pilih bagian “*Export as Rich Text*” simpan data dalam bentuk dokumen

HASIL DAN PEMBAHASAN



Prosiding Seminar Nasional Hayati vol.3 Tahun 2025

H. verticillus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. simulans	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. debilis	A.A.....
.....	
H. decapetalus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. divaricatus	...C.....G.A.....G.....C.A.A.....
.....A.	
H. giganteus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. grosseserratus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. hirsutus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. maximiliani	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. microcephalus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. mollis	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. atrorubens	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. strumosus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. tuberosus	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. nuttallii	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. argophyllus	
.....	
H. salicifolius	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. arizonensis	...C.....G.A.....G.....A.A.....
.....A.	
H. cusickii	...C.....
.....	
H. agrestis	...C.....T
.....	

1450

1460

...|...|...|...|..

H. annuus GGATAAAGAT AAGAAGAGAT AA

H. silphioides	T..
H. verticillus	T..
H. simulans	T..
H. debilis	
H. decapetalus	T..
H. divaricatus	T..
H. giganteus	T..
H. grosseserratus	T..
H. hirsutus	T..
H. maximiliani	T..
H. microcephalus	T..
H. mollis	T..
H. atrorubens	T..
H. strumosus	T..
H. tuberosus	T..
H. nuttallii	T..
H. argophyllus	
H. salicifolius	T..
H. arizonensis	T..
H. cusickii	
H. agrestis	

Tabel 1. Variasi gen pada genus *Helianthus*

NO	Tapak Ke-	Spesies	Variasi Gen
1.	78	H. annuus H. agrestis	T G
2.	148	H. annuus H. giganteus	G A
3.	259	H. annuus H. arizonensis	C A
4.	620	H. annuus	G

		H. arizonensis	A
5.	742	H. annuus	T
		H. silphoides	A
		H. verticillus	A
		H. simulans	A
		H. decapetalus	A
		H. divaricatus	A
		H. giganteus	A
		H. grosseserratus	A
		H. hirsutus	A
		H. maximilian	A
		H. microcephalus	A
		H. mollis	A
		H. mtrorubens	A
		H. strumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
6.	743	H. annuus	G
		H. silphoides	A
		H. verticillus	A
		H. simulans	A
		H. decapetalus	A
		H. divaricatus	A
		H. giganteus	A
		H. grosseserratus	A
		H. hirsutus	A
		H. maximilian	A

		H. microcephalus	A
		H. mollis	A
		H. atrorubens	A
		H. strumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
7.	744	H. annuus	C
		H. atrorubens	G
8.	774	H. annuus	T
		H. silphioides	C
		H. verticillus	C
		H. simulans	C
		H. decapetalus	C
		H. divaricatus	C
		H. giganteus	C
		H. grosseserratus	C
		H. hirsutus	C
		H. maximilian	C
		H. microcephalus	C
		H. mollis	C
		H. atrorubens	C
		H. strumosus	C
		H. tuberosus	C
		H. nuttallii	C
		H. salicifolius	C
		H. arizonensis	C
		H. cussikii	C

		H. agrestis	C
9.	844	H. annuus H. silphoides H. verticillus H. simulans H. decapetalus H. divaricatus H. giganteus H. grosseserratus H. hirsutus H. maximilian H. microcephalus H. mollis H. atrorubens H. strumosus H. tuberosus H. nuttallii H. salicifolius H. arizonensis	T G G G G G G G G G G G G G G G G G
10.	847	H. annuus H. silphoides H. verticillus H. simulans H. decapetalus H. divaricatus H. giganteus H. grosseserratus H. hirsutus H. maximilian	C A A A A A A A A A

		H. microcephalus	A
		H. mollis	A
		H. atrorubens	A
		H. strumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
11.	985	H. annuus	T
		H. silphoides	G
		H. verticillus	G
		H. simulans	G
		H. decapetalus	G
		H. divaricatus	G
		H. giganteus	G
		H. grosseserratus	G
		H. hirsutus	G
		H. maximilian	G
		H. microcephalus	G
		H. mollis	G
		H. atrorubens	G
		H. strumosus	G
		H. tuberosus	G
		H. nuttallii	G
		H. salicifolius	G
		H. arizonensis	G
12.	1123	H. annuus	T
		H. divaricatus	C

13.	1127	H. annuus	C
		H. silphoides	A
		H. verticillus	A
		H. simulans	A
		H. decapetalus	A
		H. divaricatus	A
		H. giganteus	A
		H. grosseserratus	A
		H. hirsutus	A
		H. maximilian	A
		H. microcephalus	A
		H. mollis	A
		H. atrorubens	A
		H. strumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
14.	1129	H. annuus	G
		H. silphoides	A
		H. verticillus	A
		H. simulans	A
		H. decapetalus	A
		H. divaricatus	A
		H. giganteus	A
		H. grosseserratus	A
		H. hirsutus	A
		H. maximilian	A
		H. microcephalus	A

		H. mollis	A
		H. atrorubens	A
		H. trumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
15.	1289	H. annuus	C
		H. silphoides	A
		H. verticillus	A
		H. simulans	A
		H. decapetalus	A
		H. divaricatus	A
		H. grosseserratus	A
		H. hirsutus	A
		H. maximilian	A
		H. microcephalus	A
		H. mollis	A
		H. atrorubens	A
		H. strumosus	A
		H. tuberosus	A
		H. nuttallii	A
		H. salicifolius	A
		H. arizonensis	A
16.	1448	H. annuus	G
		H. silphoides	T
		H. verticillus	T
		H. simulans	T
		H. decapetalus	T

	H. divaricatus	T
	H. giganteus	T
	H. grosseserratus	T
	H. hirsutus	T
	H. maximilian	T
	H. microcephalus	T
	H. mollis	T
	H. atrorubens	T
	H. strumosus	T
	H. tuberosus	T
	H. nuttallii	T
	H. salicifolius	T
	H. arizonensis	T

Berdasarkan tabel 1. Variasi gen pada genus *Helianthus* menunjukkan bahwa terdapat variasi gen pada beberapa spesies dalam genus ini. Ditemukan 16 tapak variasi gen pada genus *Helianthus* yang menyebabkan keanekaragaman di tingkat gen. Keanekaragaman genetik *helianthus* berdasar gen *rbcl* memiliki manfaat tersendiri yaitu pertama sebagai kandidat DNA barcode dengan tingkat variasi yang tepat, ini memungkinkan identifikasi spesies yang cepat dan akurat. Kedua pengembangan varietas tanaman unggul, pemuliaan ini bertujuan untuk menciptakan varietas baru yang bersifat unggul selain itu juga digunakan sebagai penanda molekuler untuk mempelajari filogenetik dan mengidentifikasi spesies pada tumbuhan karena lokasinya yang relatif stabil dan mudah diekstraksi. . Gen *rbcl* ditemukan di kloroplas gen ini mengkode subunit besar enzim fotosintesis ribulosa-1,5-bisfosfat karboksilase/oksigenase (RuBisCO) , yang merupakan penerima karbon utama pada semua organisme eukariotik fotosintetik dan sianobakteri (Bhattacharyya, 2016). Gen *rbcl*, yang merupakan bagian dari wilayah pengkodean gen kloroplas, dikenal memiliki tingkat keberhasilan amplifikasi yang tinggi di berbagai spesies tumbuhan. Sehubungan dengan hal tersebut, *The Consortium for the Barcode of Life* (CBOL) merekomendasikannya sebagai gen pengkode standar untuk mengidentifikasi kekerabatan pada tumbuhan, sama halnya dengan *matk* (Ingkiriwang, 2017).

Keanekaragaman gen adalah segala perbedaan yang ada dalam satu spesies, yang dapat mempengaruhi kemampuan adaptasi dan ketahanan spesies tersebut terhadap perubahan lingkungan (Purwati & Herwati, 2016). Analisis data sekuens DNA dari gen *rbcl* menunjukkan bahwa gen ini berperan penting dalam membedakan variasi antar spesies dalam genus *Helianthus*. Gen *rbcl*, atau ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase large subunit, merupakan gen yang terletak di dalam kloroplas dan berfungsi dalam proses fotosintesis. Gen ini sering digunakan sebagai barcode DNA untuk identifikasi spesies, dan menjadi salah satu standar studi

keanekaragaman genetik (Hollingsworth et al., 2009). Daerah urutan nukleotida gen *rbcl* dapat memberikan informasi penting mengenai variasi genetik di antara spesies *H. annuus* dengan spesies lainnya. Pengetahuan ini tidak hanya memberikan kontribusi yang berarti bagi ilmu pengetahuan, tetapi juga mendukung upaya konservasi dan pengembangan varietas unggul pada gen *Helianthus*.

Dari peninjauan sekuens DNA *Helianthus* di Bioedit, teridentifikasi 16 titik perbedaan antarspesies dalam genus tersebut. Perbedaan sekuens DNA pada *H. annuus* dan *H. silphoides*, *H. vericulus*, *H. simulans*, *H. decapetalus*, *H. grosseserratus*, *H. hirsutus*, *H. maximilian*, *H. microcephalus*, *H. mollis*, *H. strumosus*, *H. tuberosus*, *H. nuttallii*, *H. salicifolius* ditemukan 10 perbedaan, yaitu pada tapak 742, 743, 774, 844, 847, 985, 1127, 1129, 1289, dan 1448. Perbedaan pada *H. annuus* dan *H. divaricatus* ditemukan 11 perbedaan, yaitu pada tapak 742, 743, 774, 844, 847, 985, 1123, 1127, 1129, 1289, dan 1448. Perbedaan pada *H. annuus* dan *H. giganteus* ditemukan 10 perbedaan, yaitu pada tapak 148, 742, 743, 774, 844, 847, 985, 1127, 1129, dan 1448. Perbedaan *H. annuus* dan *H. atrorubens* ditemukan ada 11 perbedaan, yaitu pada tapak 742, 743, 744, 774, 844, 847, 985, 1127, 1129, 1289, dan 1448. Perbedaan pada *H. annuus* dan *H. arizonensis* ditemukan ada 12 perbedaan, yaitu pada tapak 259, 620, 742, 743, 774, 844, 847, 985, 1127, 1129, 1289, 1448. Perbedaan *H. annuus* dan *H. agrestis* ditemukan ada 2 perbedaan, yaitu pada tapak 78, dan 774. Perbedaan genetik ini menciptakan keragaman pada tingkat gen.

Gen *rbcl* sebagai penanda genetik telah terbukti efektif dalam identifikasi dan analisis kekerabatan berbagai spesies tumbuhan. Salah satu contohnya adalah pada *Centella asiatica* (L.) Urban, di mana gen *rbcl* berhasil digunakan sebagai barcode DNA untuk identifikasi molekuler dan menentukan hubungan filogenetik dengan spesies lain (Syahreza et al., 2023). Selain itu, analisis filogenetik menggunakan gen ini juga mampu mengelompokkan variasi warna dan morfologi pada *Clitoria ternatea*, baik yang memiliki kelopak tunggal (*single petal*) maupun ganda (*double petal*) (Kholifah, 2024). Studi lain pada *Aglaia odorata* (Pacar Cina) menunjukkan bahwa gen *rbcl* dapat mengungkap kekerabatan dekat dengan spesies lain dalam genus yang sama (Arifah et al., 2025). Lebih lanjut, gen ini juga berperan dalam mengkonfirmasi status taksonomi kultivar Macang (Rafidah, 2018) serta menganalisis kekerabatan tanaman Pala di Tahuna dengan *Myristica fragrans* dan spesies terkait lainnya (Ingkiriwang et al., 2017). Pada pisang kultivar Raja, gen *rbcl* berhasil memetakan hubungan kekerabatan antara varietas Raja Bali, Raja Lini, dan Raja Kisto, serta mengelompokkan Raja Delima dengan pisang Raja dari Jawa Tengah (Murtadlo, 2018). Temuan-temuan ini memperkuat peran gen *rbcl* sebagai alat yang andal dalam studi keragaman genetik dan filogenetik tumbuhan, menegaskan pentingnya dalam bidang taksonomi dan konservasi. Termasuk pada genus *Helianthus* yang memiliki nilai komoditas ekonomi, baik sebagai tanaman hias maupun sebagai tanaman sumber nutrisi dan kesehatan.

SIMPULAN

Dari hasil penelitian dengan menggunakan 22 sekuens DNA *rbcl* pada spesies genus *helianthus* diperoleh 16 tapak variasi gen. Keanekaragaman genetik berperan penting dalam meningkatkan kualitas dan produktivitas tanaman, termasuk bunga matahari (*Helianthus annuus*). Pemahaman variasi genetik memungkinkan pengembangan varietas unggul yang lebih tahan terhadap cekaman lingkungan dan penyakit. Salah satu cara untuk mengungkap

keanekaragaman tersebut adalah melalui analisis gen *rbcl*, gen kloroplas yang menyandi subunit besar enzim Rubisco, enzim utama dalam fotosintesis. CBOL merekomendasikan gen *rbcl* (bersama *matK*) sebagai DNA barcode standar tumbuhan karena tingkat keberhasilan amplifikasi dan sekuensingnya yang tinggi. Informasi dari gen ini bermanfaat untuk mengetahui hubungan kekerabatan genetik, serta menjadi dasar dalam pemuliaan tanaman untuk meningkatkan kualitas agronomis.

DAFTAR RUJUKAN

- Bhattacharyya, B. 2016. Botani Sistematis Edisi 2. Penerbit Buku Kedokteran EGC: Jakarta.
- Broholm, S. K., T.H. Teeri & P.Elomaa. 2014. Molecular Control of Inflorescence Development in Asteraceae. *Advances in Botanical Research*. 72: 297–333. DOI:10.1016/B978-0-12-417162-6.00010-9
- Fazekas, AJ, Burgess KS, Kesanakurti, PR, Graham SW, Newmaster SG, Husband BC, Percy DM, Hajibabaei M, Barret S C H, 2008. Multiple multilocus DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well. *Plos one* 3:2802.
- Hardani, C. A. K. (2015). Analisis Kekerabatan Genetik Menggunakan Dna Kloroplas Gen *rbcl* (Ribulose 1, 5 Biphosphate Carboxylase Oxygenase) dan Gen *matK* (Maturase K) pada Spesies Lamun di Papua Barat (Doctoral dissertation, Universitas Brawijaya).
- Hollingsworth PM, Forrest LL, Spouge JL, Hajibabaei, Ratnasingham. 2009. A DNA barcode for land plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 106: 12794–12797.
- Indrawan, M., Primack, R. B., dan Supriatna, J. 2007. Biologi Konservasi.: Yayasan Obor Indonesia. Jakarta.
- Ingkiriwang, M., Repi, R. A. & Nanlohy, F. N. (2017). Analisis Filogeni Molekuler Tanaman Pala (*Myristica* sp.) Dari Tahuna Menggunakan gen *rbcl* DNA Kloroplas. *Jurnal Sains, Matematika dan Edukasi (JSME)*, 5(2), 137-144.
- Ingkiriwang, M., Repi, R. A., & Nanlohy, F. N. (2018). Analisis filogeni molekuler tanaman pala (*Myristica* sp) dari tahuna menggunakan gen *rbcl* DNA kloroplas. *JSME (Jurnal Sains, Matematika & Edukasi)*, 5(2), 137-144.
- Kholifah, A. N. Analisis filogenetik *clitoria ternatea* (kembang telang) menggunakan gen *rbcl* (large subunit ribulose 1, 5 biphosphate carboxylase/oxygenase) (Bachelor's thesis, Fakultas Sains dan Teknologi UIN Syarif Hidayatullah Jakarta).
- Lestari, DA, Azrianingsih, R., & Hendrian, H. (2018). Filogenetik jenis-jenis *Annonaceae* dari Jawa Timur koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan coding dan non-coding sekuen DNA. *Jurnal Keanekaragaman Hayati Tropis dan Bioteknologi*, 3 (1), 1-7.
- Masruroh, I. H., Triestina, N. I. P., Sulistiono, S., & Santoso, A. M. (2018, September). Hubungan Kekerabatan Bambu berdasarkan Gen *Rbcl* Berbasis Analisis *In Silico* sebagai Bukti Adanya Evolusi Molekuler. In *Prosiding Seminar Nasional Hayati* (Vol. 6, pp. 164-178).
- Mantang, W., Mantiri, F. R., & Kolondam, B. J. (2018). Identifikasi Tumbuhan Paku Air (*Azolla* sp.) Secara Morfologi dan Molekuler dengan Menggunakan Gen *rbcl* (Identification of Water Ferns (*Azolla* sp.) Based on Morphological Traits and Molecular Marker Using *rbcl* Gene). *Jurnal Bios Logos*, 8(2), 38-44.
- Murtadlo, A. A. A. (2018). Evolusi Molekuler dan biogeografi pisang raja di pulau jawa berdasarkan Gen *rbcl* (large subunit ribulose 1, 5 biphosphat carboxylase/oxygenase) (Doctoral dissertation, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim).
- Nurhasanah, Sundari, & Papuangan, N. (2019). Amplification and Analysis of *Rbcl* Gene (Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase) of Clove in Ternate Island. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 276(1), 0–7.
- Purwati, R. D. dan A. Herwati. 2016. Evaluation of Quantitative and Qualitative Morphological Characters of Sunflower (*Helianthus annuus*) germplasm. *Biodiversitas* 17(2) : 461-465
- Rafidah, N., Fitmawati, F., Juliantari, E., & Sofiyanti, N. (2019). Variasi infraspecies macang (*Mangifera foetida*) berdasarkan sekuen gen *rbcl*. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*, 12(1), 1-7.
- Rahayu, D. A., & Jannah, M. (2019). *DNA barcode hewan dan tumbuhan Indonesia*. Yayasan Inspirasi Ide Berdaya.

- Sogandi, S., & Sagala, Z. (2022). Barcoding DNA Tanaman Mangga Kasturi (*Mangifera casturi*) Asal Kalimantan Selatan Berbasis DNA Kloroplas Gen *rbcl* dan *matK*. *Jurnal Ilmu Kefarmasian Indonesia*, 20 (1), 38-43.
- Taariwuan, M. B., Ngangi, J., Mokosuli, Y., & Gedoan, S. (2021). DNA Barcoding Dalugha (*Cyrtosperma Merkusii*) di Kepulauan Talaud dan Minahasa Selatan Berdasarkan Gen *rbcl*. *Jurnal Bios Logos*, 11(2), 134-138.
- Wardi, E. S., Jamsari, J., Irwandi, I., Sartika, D., & Ningsih, A. R. (2020). Barkod Dna Pada Tanaman Gambir (*Uncaria Gambir* (Hunter) Roxb.) Berdasarkan Gen *Matk* Dan *Rbcl*. *As-Syifaa Jurnal Farmasi*, 12(1), 22-28.
- Yuliani, Y., Yuniaty, A., & Susanto, A. H. (2017). Variasi Sekuens DNA yang Diampifikasi Menggunakan Primer *Atpb-Rbcl* pada Beberapa Kultivar Kacang Tanah. *Scripta Biologica*, 4(1), 11-14.