

Identifikasi Molekuler Pelawan Kepuh (*Tristaniopsis obovata* Benn.) dari Pulau Bangka Berdasarkan Gen *Internal Transcribed Spacer*

Molecular Identification of Pelawan Kepuh (*Tristaniopsis obovata* Benn.) from Bangka Island Based on Internal Genes *Transcribed Spacer*

Rinny Saputri & A. Arsyadi*

Program Studi Biologi, Jurusan Sains Alam dan Ilmu Formal, Fakultas Sains dan Teknik,
Universitas Bangka Belitung, Indonesia

Disubmit: 30 September 2025; Direview: 01 Oktober 2025; Disetujui: 27 Oktober 2025

*Corresponding Email: rinnysaputri@ubb.ac.id

Abstrak

Penelitian ini melanjutkan identifikasi pohon Pelawan dan mendeskripsikan DNA barcoding Pelawan Kepuh (*Tristaniopsis obovata* Benn.) dari Pulau Bangka menggunakan gen *Internal Transcribed Spacer* (ITS). Data hasil identifikasi molekuler ini akan diunggah ke basis data *NCBI Genbank* sebagai acuan standar untuk identifikasi *T. obovata* berdasarkan gen ITS. Tujuan penelitian adalah mengidentifikasi spesies *T. obovata* yang belum memiliki status konservasi dalam *IUCN Red List* menggunakan penanda gen ITS. Sebanyak tiga sampel daun Pelawan Kepuh dikumpulkan dari Hutan Pelawan Namang, Kabupaten Bangka Tengah (2°22'03"S 106°11'00"E). Analisis molekuler menghasilkan sekuens sepanjang 651 pasangan basa dari gen ITS. Hasil DNA BLAST menunjukkan kemiripan 99,84% dengan *T. obovata* dari Hutan Adat Tukak, Bangka Selatan (OL681865.1 dan OL681857.1), serta 99,04% dengan spesies yang ditemukan di Hutan Sigambir Kotawaringin, Bangka (OL681864.1). Analisis pohon filogenetik menempatkan *T. obovata* dari Namang dalam satu kluster dengan spesies *T. obovata* lainnya, menunjukkan bahwa gen ITS memiliki kemampuan determinasi yang lebih akurat dibandingkan gen *rbcL* pada penelitian sebelumnya. Analisis lanjutan menggunakan *whole genome* diperlukan untuk memperkuat hasil identifikasi Pelawan Kepuh.

Kata Kunci: DNA Barcoding; Pohon Pelawan; Pelawan Kepuh; rDNA; Gen ITS.

Abstract

This study continues the identification of the Pelawan tree and describes the DNA barcoding of Pelawan Kepuh (*Tristaniopsis obovata* Benn.) from Bangka Island using the *Internal Transcribed Spacer* (ITS) gene. The molecular identification data will be submitted to the *NCBI Genbank* database as a reference standard for identifying *T. obovata* based on the ITS gene. The research aims to identify *T. obovata* species, which currently has no conservation status in the *IUCN Red List*, through ITS gene analysis. Three leaf samples of Pelawan Kepuh were collected from the Pelawan Forest in Namang, Central Bangka Regency (2°22'03"S 106°11'00"E). Molecular analysis produced a sequence of 651 base pairs of the ITS gene. The DNA BLAST results showed a 99.84% similarity with *T. obovata* from the Tukak Customary Forest, South Bangka (OL681865.1 and OL681857.1), and 99.04% similarity with *T. obovata* from Sigambir Kotawaringin Forest, Bangka (OL681864.1). The phylogenetic tree analysis grouped *T. obovata* from Namang within the same cluster as other *T. obovata* species, indicating that the ITS gene provides a more reliable determination than the *rbcL* gene used in previous studies. Further whole genome analysis is recommended to strengthen the identification of Pelawan Kepuh.

Keywords: DNA Barcoding; Pelawan Tree; rDNA.

How to Cite: Saputri, R., & Arsyadi, A. (2025). Identifikasi Molekuler Pelawan Kepuh (*Tristaniopsis obovata* Benn.) dari Pulau Bangka Berdasarkan Gen *Internal Transcribed Spacer*. *Journal of Natural Sciences*. 6 (3): 213-223



PENDAHULUAN

Bangka Belitung merupakan salah satu provinsi di Indonesia yang terkenal akan keanekaragaman hayati, terutama flora dan fauna endemiknya. Di antara spesies tumbuhan endemik yang terkenal di Pulau Bangka Belitung adalah pohon Pelawan. Pulau Bangka merupakan habitat bagi tiga spesies Pelawan yang berbeda: *Tristaniopsis merguensis* (Pelawan Merah), *Tristaniopsis obovata* (Pelawan Kepuh), dan *Tristaniopsis wheatinea* (Pelawan Tudak) (Akbarini, 2016). *Tristaniopsis obovata* termasuk ke dalam famili Myrtaceae dan tumbuh subur di hutan Bangka Belitung. Pelawan memiliki kayu dengan sifat yang kuat dan kegunaan yang beragam, sehingga bernilai ekonomi tinggi bagi masyarakat lokal (Saputri *et al.*, 2023). Namun, tanpa langkah-langkah konservasi yang tepat dan memadai, terdapat banyak risiko yang dapat mengancam keberadaan dan kelestarian pohon Pelawan di Bangka Belitung. Untuk itu, di Desa Namang Kabupaten Bangka Tengah, dibentuk Kawasan Konservasi Hutan Pelawan sebagai salah satu upaya konservasi in situ terhadap Pohon Pelawan di wilayah Bangka Belitung (Saputri *et al.*, 2024).

Status konservasi pohon pelawan berdasarkan data (IUCN) *Red List & Threaded species* belum pernah tercatat. Selain itu, *data profiling* untuk mendukung program konservasi Pelawan, termasuk informasi molekuler berbasis DNA barcoding, juga belum pernah dilakukan. Studi pertama kami mengenai identifikasi molekuler *Tristaniopsis obovata* Benn, menggunakan DNA kloroplas berdasarkan gen *rbcL*, menunjukkan bahwa analisis berdasarkan gen *rbcL* hanya dapat mengidentifikasi *Tristaniopsis* pada tingkat genus. Oleh karena itu, diperlukan studi dengan gen penanda lainnya agar dapat mengidentifikasi spesies secara lebih spesifik dan akurat hingga ke tingkat spesies.

DNA penanda *noncoding* yang ditemukan dalam nukleus, seperti *ribosomal internal transcribed spacer* (ITS) sendiri atau dikombinasikan dengan gen lain telah banyak digunakan untuk mengidentifikasi spesies tanaman. Selain itu, keberhasilan identifikasi spesies juga sangat bergantung pada ketersediaan basis data urutan nukleotida yang akurat dan lengkap untuk setiap spesies seperti yang terdapat di *Genbank* (Amandita *et al.*, 2019). Informasi terkait urutan nukleotida berdasarkan gen ITS telah banyak tersedia di dalam database, sehingga membuat tingkat keberhasilan untuk identifikasi spesies lebih tinggi daripada penanda lainnya. Selain itu, ITS telah direkomendasikan oleh *The Consortium for the Barcode of Life* (CBOL) sebagai salah satu DNA penanda universal pada



tanaman (Hollingsworth *et al.*, 2011). Hal ini dikarenakan ITS memiliki tingkat variabilitas yang lebih tinggi dibandingkan DNA penanda lainnya, karena kemampuannya dalam memberikan resolusi tinggi terhadap hubungan antar dan intra-spesifik (Zainuddin *et al.*, 2022). Studi lain juga menunjukkan bahwa ITS menunjukkan universalitas yang lebih baik serta kemampuan diskriminasi spesies yang lebih tinggi dibandingkan barcode cpDNA (Zhang *et al.*, 2016). Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies endemik *Tristaniaopsis obovata* Benn dari Pulau Bangka yang belum ada status konservasi dalam *IUCN Red List & Threatened species* berdasarkan gen ITS.

METODE PENELITIAN

Pengumpulan sampel dilakukan pada bulan April 2024 di Hutan Pelawan, Kecamatan Namang, Kabupaten Bangka Tengah, Kepulauan Bangka Belitung (2°22'03"S 106°11'00"E) dengan didampingi oleh pihak pengelola Hutan Pelawan yang juga membantu dalam konfirmasi spesies pohon pelawan yang digunakan dalam penelitian ini. Secara umum, hutan tersebut termasuk ke dalam jenis hutan kerangas dan hutan rawa dengan karakter tanah bersifat asam dan miskin hara. Hal ini mendukung pertumbuhan berbagai tumbuhan lainnya seperti *Garcinia*, *Cratoxylum*, *Shorea*, *Palaquium*, *Dillenia*, *Gynotroches*, *Melaleuca*, serta menjadi habitat berbagai jenis fauna termasuk burung *Setornis criniger* yang berstatus vulnerable dan dilindungi (Akbarini *et al.*, 2019). Sebanyak tiga sampel daun diperoleh menggunakan teknik pengambilan sampel acak di berbagai lokasi, kemudian sampel tersebut dimasukkan ke dalam kantong plastik *ziplock* berisi silika gel untuk tujuan pengawetan. Analisis sekuensing dilakukan oleh Laboratorium Biodiversity Indonesia (BIONESIA) di Denpasar, Bali.

Isolasi DNA daun Pelawan Merah dilakukan menggunakan Qiagen DNeasy Plant mini kit di Laboratorium BIONESIA. Sampel daun dihaluskan, ditimbang sebanyak 10 gram, dan digunakan dalam proses ekstraksi DNA sesuai protokol Qiagen DNeasy Plant Mini Kit untuk mengisolasi DNA. Hasil ekstraksi kemudian dimurnikan dan diaplikasikan untuk PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Proses amplifikasi mengikuti protokol laboratorium BIONESIA. Primer yang digunakan dalam proses PCR untuk sampel daun adalah ITS 1F (5'- TCC GTA GGT GAA CCT GCG G -3') dan ITS 4R (5'- TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC -3') (Sameem, 2018). Total reaksi PCR adalah 26 µL yang terdiri dari



campuran: 2 μ L DNA *template* yang diekstraksi, 1,25 μ L setiap primer dalam konsentrasi 10 mM, 9 μ L ddH₂O, dan 12,5 μ L Ready mix. Campuran reaksi kemudian diamplifikasi menggunakan mesin *Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler*. Profil suhu dan waktu protokol PCR yang digunakan adalah sebagai berikut: Denaturasi Awal: 94°C selama 3 menit, kemudian tahap Denaturasi: 94°C selama 30 detik, *Annealing* 58°C selama 30 detik, dan tahap Ekstensi 72°C selama 60 detik. Tahap Denaturasi hingga Ekstensi dilakukan dalam 30 siklus, dan tahap terakhir adalah ekstensi akhir: 72°C selama 10 menit. Dalam penelitian ini, larutan akuabides (ddH₂O) juga digunakan sebagai kontrol negatif dan ukuran pita yang dihasilkan dibandingkan dengan marker DNA 100 bp. Hasil PCR kemudian divisualisasikan pada gel Agarosa 1% dengan Pewarna Gel Asam Nukleat (GelRed®) dan dipurifikasi dengan mengikuti protokol PCR *Cleanup Kit Geneaid* lalu dilanjutkan dengan pembacaan DNA (sekuensing) secara dua arah (*forward and reverse*) menggunakan metode dideoksi Sanger di PT. Genetika Science Jakarta.

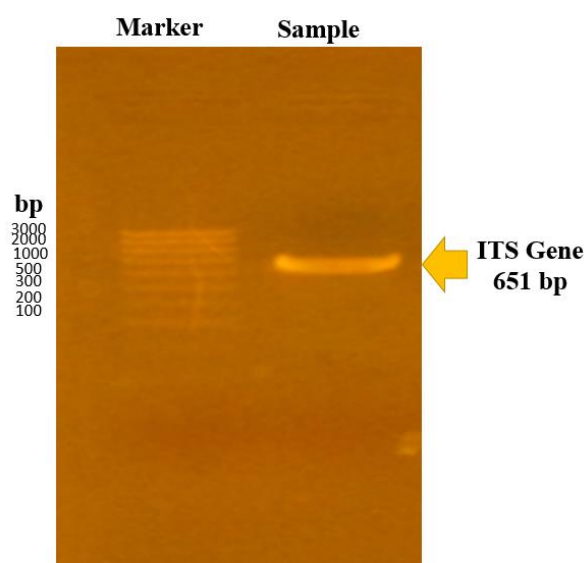
Hasil sampel yang telah disekuensing berupa data sekuen (file Ab1) kemudian dianalisis menggunakan komputer. Urutan gen ITS yang dihasilkan diedit, disusun menjadi sekuens konsensus, dan dikonversi ke dalam format FASTA menggunakan SeqTrace v.0.9.0 untuk menghasilkan kromatogram sekuensing berkualitas tinggi dengan puncak yang terpisah, masing-masing berwarna tunggal, dan memiliki *noise baseline* yang minimal. Data sekuen yang diperoleh kemudian diedit dan di-align menggunakan metode *ClustalW* pada program MEGA XI. Setiap susunan basa kemudian diperiksa secara manual dan dipastikan semua data yang digunakan berkualitas baik. Data yang memiliki hasil sekuen yang buruk kemudian diproses dengan PCR dan disekuensing ulang kembali. Data tersebut kemudian dicocokkan dengan *database* di data bank (*Genbank* NCBI) menggunakan metode *Basic Local Alignment Search Tools* (BLAST) pada website NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Tingkat kesamaan dan akurasi data kemudian dianalisis dan dicatat. Sekuens yang diperoleh kemudian digunakan dalam kontruksi pohon filogenetik untuk melihat hubungan evolusi antar sampel sekaligus untuk mengkonfirmasi hasil BLAST dalam mengidentifikasi hingga tingkat spesies. Pohon kekerabatan dibuat menggunakan metode *Neighbor-joining* (NJ) berdasarkan model Tamura-Nei dengan replikasi *bootstrap* 1000 kali dalam perangkat lunak MEGA XI. Nilai jarak genetik kemudian dianalisis menggunakan metode *Maximum Composite Likelihood*

untuk memperkirakan jarak evolusi antar sekuens (Saitou & Nei, 1987; Tamura *et al.*, 2004; Kumar *et al.*, 2018).

Data sekuens yang diperoleh selanjutnya digunakan untuk menghasilkan QR code unik yang terhubung langsung dengan sekuens ITS, sehingga nantinya dapat digunakan untuk identifikasi spesies secara akurat. QR code dalam penelitian ini dikonstruksi menggunakan generator kode QR (<https://www.qr-code-generator.com/>) (Patel *et al.*, 2025).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil amplifikasi PCR gen ITS *Tristaniopsis obovata* Benn dari Pulau bangka menunjukkan bahwa fragmen target teramplifikasi dengan baik ditandai dengan adanya *clear band* tunggal pada gel agarose dan berukuran 651 bp (Gambar 1). Pita yang jernih dan tebal menandakan kondisi PCR optimal telah tercapai sehingga proses PCR dapat berjalan dengan baik dan dapat diproses pada tahap selanjutnya yaitu purifikasi. Purifikasi bertujuan untuk memurnikan DNA hasil produk PCR dari komponen-komponen lainnya. Metode purifikasi dalam penelitian ini tidak dilakukan terhadap gel melainkan langsung dari larutan reaksi atau produk PCR karena pita DNA yang dihasilkan bersifat spesifik (satu pita) dan sesuai dengan ukuran target (Kress & Erickson, 2007). Urutan sekuens gen ITS Pelawan Kepuh ditampilkan pada Tabel 1. Selanjutnya, urutan tersebut digunakan untuk membuat kode QR DNA dan barcode untuk *T. obovata* dari Pulau Bangka.



Gambar 1. Visualisasi produk PCR *Tristaniopsis obovata* Benn. pada gel agarosa 1% dengan pewarna gel asam nukleat (GelRed®) menggunakan DNA marker (M) 100 bp dan primer ITS 1F / ITS 4

Tabel 1. Urutan Nukleotida *Tristaniopsis obovata* Benn berdasarkan gen ITS dari Hutan Pelawan Namang, Bangka Tengah, Indonesia

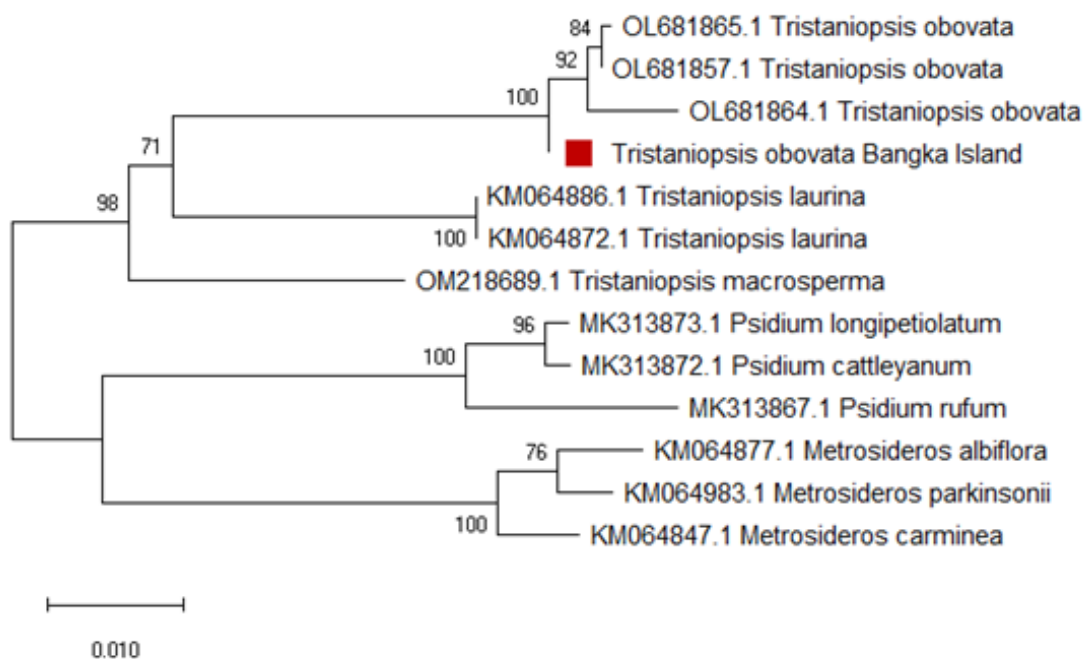
Spesies	Sekuen DNA
<i>Tristaniopsis obovata</i>	AAGGATCATTGTCTGAATCCTGCCTAGCAGTATGACCAGAGAACTAGTAAAGCACTC AACGGGGACGGTGGGCTTTGCCCCATCGCCCTCGACGCCTGGGATCGCACGGGTGCG CTAGAGCGCTCGGGCTTATCTCGGCGGCACAACGAACCCCGGCGCGGAATGCGCCA AGGAACTCGAACAAGAGAGCGATGCTCCCATCACCCCGGACACGGGGCGTGCCTGG GACGCCATACAATCTCCTATTATTATTTCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG GCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAACTGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAA TCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCTTTGCAAGGGCA CGCTTGCCTGGGTGTCACACATGGCGTTGCCCTAGTCTCTCGCCCCGATTTGGGCG AGCAGGACTCGGGCGCGTAAGTTGGCCTCCCGTGATATGGCCTCGTCCCGGTTGGC CCAAAATCGAGCGTCGGAGCGATTAGCACCACGACATTCCGGTGGTTGATTAGACCC CAATGATCAATGTCGTGCGCGCCGCTCGTGTGCACGCTCCGCGAATCTACTCACAAC CAACGCGACCCAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAG

Urutan DNA Kepuh Pelawan selanjutnya dianalisis dan dibandingkan dengan sekuens di *database Genbank* melalui metode BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Hasil menunjukkan bahwa gen ITS sampel *T. obovata* dari Hutan Pelawan, Bangka Tengah (ARN24) memiliki homologi dan *query cover* yang tinggi (>99% dan 97%) dengan *T. obovata* dari Kabupaten Bangka (OL681865.1; OL681857.1; OL681864.1). Tingginya *percent identity* atau nilai *homology* yang diperoleh (disertai *E-value* yang rendah dan *query cover* yang tinggi) menunjukkan bahwa urutan *query* sangat mirip dengan urutan sekuens yang ditemukan dalam database dan mengindikasikan hubungan evolusioner yang kuat. Nilai ini diperoleh dengan membagi jumlah residu yang identik dengan panjang *alignment*, lalu dikalikan dengan 100 (Torkian *et al.*, 2020). Menurut Kress & Erickson (2007) *Query Cover* merupakan persentase *query* dari sekuens DNA yang disejajarkan dengan sekuens serupa dalam database dan menunjukkan tingkat kecocokan antara keduanya. Nilai *query cover* yang lebih tinggi menunjukkan bahwa semakin besar bagian dari sekuens input yang terwakili dalam penyelarasan dengan sekuens di database. Jika urutan target dalam basis data mencakup seluruh urutan *query*, maka *query cover* adalah 95-99%.

Tabel 2. Hasil BLASTn *Tristaniopsis obovata* Benn berdasarkan gen ITS dari Hutan Pelawan Namang, Bangka Tengah, Indonesia

Sampel ID	Species outcome	Base pair	Gene	Accession number	Query cover	Identity	E-value
ARN24	<i>Tristaniopsis obovata</i>	651	ITS	OL681865.1	97%	99.84%	0.0
				OL681857.1	97%	99.84%	0.0
				OL681864.1	97%	99.06%	0.0

Sekuens referensi yang diperoleh dari database digunakan untuk kontruksi pohon filogenetik yang merupakan pendekatan untuk menggambarkan hubungan evolusi antar organisme dan menunjukkan konstruksi sejarah evolusi dan hubungan evolusi antara keturunan dan nenek moyang. Menurut Arsyadi & Saputri (2024) bahwa hubungan tersebut berdasarkan kesamaan karakter sekuens sebagai dasar perbandingan yang diperoleh dengan menggunakan analisis sistematis. Menurut Malik *et al.*, (2019) bahwa sejarah evolusi dapat disimpulkan menggunakan metode *Neighbor-Joining*. Pohon tersebut memiliki skala panjang cabang yang mewakili jarak evolusi dan digunakan untuk menyimpulkan pohon filogenetik. Menurut Kang *et al.*, 2017 bahwa jarak evolusi dihitung menggunakan metode *Maximum Composite Likelihood* dan dalam satuan jumlah substitusi basa per situs. Untuk mengkonfirmasi sampel *T. obovata* maka pohon filogenetik dibuat dengan menggunakan metode *Neighbor-Joining* berdasarkan model Tamura-Nei dengan MEGA X dengan 1000 replikasi untuk menunjukkan kekerabatan *T. obovata* dengan spesies atau genus terdekat (Gambar 2).



Gambar 2. Pohon filogenetik *Tristaniopsis obovata* Benn (kotak merah) berdasarkan gen ITS dari Hutan Pelawan Namang, Bangka Tengah, Indonesia

Pola pengelompokan clade yang diperoleh dari sekuens ITS menunjukkan bahwa *T. obovata* yang berasal dari Hutan Pelawan, Bangka Tengah memiliki hubungan genetik terdekat dengan spesies yang sama yang berasal dari Hutan di Kabupaten Bangka dengan nilai bootstrap 100. Hal ini sejalan dengan hasil BLAST sebelumnya dengan persentase

kesamaan sekuens mencapai >99%. Nilai bootstrap yang tinggi (>85%) menunjukkan bahwa organisme dalam klad yang sama tersebut memiliki kedekatan genetik, dan garis keturunannya dimungkinkan berasal dari satu nenek moyang yang sama (John *et al.*, 2002). Nilai bootstrap yang lebih tinggi juga menunjukkan tingkat kepercayaan yang lebih besar terhadap posisi klad tersebut dalam pohon filogenetik. Dalam studi ini, nilai bootstrap >85% juga diperoleh untuk *Psidium* dan *Metrosideros* yang menunjukkan bahwa gen ITS merupakan DNA marker yang andal dan cocok digunakan dalam analisis filogenetik kelompok tersebut (Salindeho *et al.*, 2022). Menurut Saputri *et al* (2024) bahwa spesies yang berasal dari genus yang sama cenderung berada dalam klade yang sama dalam konstruksi pohon filogenetik karena mereka terkait erat dan memiliki nenek moyang yang sama dalam sejarah evolusi mereka. Meskipun demikian, di dalam pohon filogenetik tersebut juga menunjukkan adanya *clade* dengan nilai bootstrap yang sedang (70-85%) yaitu antara kelompok *T. obovata* dengan *T. laurina* dan antar *subclade* di dalam genus *Metrosideros*. Hal ini umum terjadi pada kelompok-kelompok yang baru mengalami divergensi dan bisa disebabkan oleh keterbatasan jumlah karakter yang mendukung setiap node (Pamela & Douglas, 2003).

Analisis pairwise menunjukkan rasio perbedaan di antara urutan nukleotida gen ITS. Hanya sedikit jarak genetik yang diamati antar spesies, berkisar antara 0,0038–0,0959 (Tabel 3). Nilai *P-distance* ini menunjukkan bahwa jarak genetik yang lebih besar mencerminkan hubungan evolusioner yang lebih jauh antar taksa (Stevanus & Made, 2021). Jarak genetik merujuk pada tingkat perbedaan dalam suatu gen, yang ditentukan dengan membandingkan variasi antar spesies atau kelompok populasi yang berbeda.

Table 3. Estimasi divergensi evolusioner dalam famili *Myrtaceae* berdasarkan gen ITS menggunakan model *Maximum Composite Likelihood*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 <i>Tristaniopsis obovata</i> ARN24										
2 <i>Tristaniopsis obovata</i>	0,0048									
3 <i>Tristaniopsis laurina</i>	0,0500	0,0560								
4 <i>Tristaniopsis macrosperma</i>	0,0505	0,0566	0,0462							
5 <i>Psidium longipetiolatum</i>	0,0795	0,0864	0,0778	0,0693						
6 <i>Psidium cattleianum</i>	0,0811	0,0880	0,0759	0,0676	0,0038					
7 <i>Metrosideros albiflora</i>	0,0832	0,0900	0,0790	0,0779	0,0775	0,0773				
8 <i>Metrosideros carminea</i>	0,0817	0,0887	0,0745	0,0733	0,0678	0,0676	0,0196			
9 <i>Metrosideros parkinsonii</i>	0,0855	0,0919	0,0778	0,0767	0,0695	0,0693	0,0105	0,0120		
10 <i>Psidium rufum</i>	0,0887	0,0959	0,0828	0,0755	0,0236	0,0235	0,0846	0,0798	0,0799	

Rata-rata komposisi basa nukleotida pada seluruh sekuens yang diamati adalah: T (20%), C (28%), A (22%), dan G (28%) (Tabel 4). Ikatan hidrogen antara basa A-T terdiri dari dua ikatan hidrogen, yang lebih lemah dibandingkan tiga ikatan hidrogen pada pasangan G-C. Kandungan GC yang tinggi dapat memfasilitasi penumpukan basa (base stacking), sehingga membuat urutan tersebut lebih stabil dibandingkan dengan urutan yang memiliki kandungan GC yang rendah (Alex et al., 2021).

Table 4. Estimasi komposisi nukleotida genus *Tristaniopsis*

Sequence	T (%)	C (%)	A (%)	G (%)
<i>Tristaniopsis obovata</i> Bangka Island	19,7	30,1	22,2	28,0
<i>Tristaniopsis obovata</i>	19,9	30,3	21,9	28,0
<i>Tristaniopsis laurina</i>	18,3	31,0	22,8	27,8
<i>Tristaniopsis macrosperma</i>	19,6	28,4	23,6	28,3
<i>Psidium longipetiolatum</i>	20,4	28,2	22,7	28,7
<i>Psidium cattleianum</i>	20,1	28,4	22,5	29,0
<i>Metrosideros albiflora</i>	21,5	28,4	22,6	27,5
<i>Metrosideros carminea</i>	21,5	28,3	22,7	27,5
<i>Metrosideros parkinsonii</i>	21,7	28,5	22,1	27,7
<i>Psidium rufum</i>	20,2	28,2	22,6	29,0
Avg.	20,3	28,9	22,6	28,2

DNA barcode atau QR code dibuat untuk mempermudah identifikasi spesies dan umumnya memuat nama Latin dan data urutan (*sequence*) dari spesies yang diamati. Dalam studi ini, kami membuat QR code dari urutan gen ITS Pelawan Kepuh dari Pulau Bangka (Gambar 3). Pemindaian QR code menggunakan perangkat seluler memungkinkan memperoleh informasi sekuens dari spesies terkait secara cepat sehingga penting dalam mempermudah proses identifikasi dan pemantauan keanekaragaman genetik spesies.



Gambar 3. DNA QR code dari sekuens ITS pohon Pelawan Kepuh asal Pulau Bangka

Gen ITS telah berhasil mengidentifikasi organisme hingga tingkat genus. Meskipun masih belum mampu membedakan antarspesies. Namun, untuk penelitian selanjutnya, untuk meningkatkan sensitivitas dan akurasi hasil identifikasi dengan melakukan analisis genom secara keseluruhan. Hal ini akan memungkinkan untuk mengidentifikasi spesies dengan tingkat kepastian yang lebih tinggi.

SIMPULAN

Dalam penelitian ini, gen ITS *Tristaniopsis obovata* Benn dari Hutan Pelawan Namang, Bangka Tengah telah berhasil diamplifikasi dan memiliki panjang 651 bp. Berdasarkan analisis pohon filogenetik, gen ITS dalam penelitian ini memberikan determinasi yang lebih baik dibandingkan penelitian sebelumnya dengan gen *rbcL* dalam mengidentifikasi *Tristaniopsis* hingga ke tingkat spesies. Analisis whole genom diperlukan untuk melengkapi identifikasi Pelawan Kepuh guna memahami dan memantau keanekaragaman genetik *Tristaniopsis obovata* secara menyeluruh, menilai potensi adaptasi spesies terhadap perubahan lingkungan, serta menjadi dasar pengambilan keputusan untuk pengelolaan, pemulihan, dan restorasi spesies.

DAFTAR PUSTAKA

- Akbarini, A. (2016). Pohon Pelawan (*Tristaniopsis merguensis*): spesies kunci keberlanjutan Taman Keanekaragaman Hayati Namang-Bangka Tengah. *Al Kauniyyah Jurnal Biologi*. 9 (1): 66-73.
- Akbarini, D. Iskandar, J. Purwanto, B.H. Husodo, T. (2019). Biodiversity Park in the Pelawan Forest as a local biodiversity education media in the Bangka Belitung Archipelago Province. *Proceeding Biology Education Conference*. 16(1): 210-218.
- Alex, VN. Denisse, T. Christine, R.B. (2021). Hotspots of Human mutation. *Trends in Genetics*. 37: 717-729.
- Amandita, F.Y. Rembold, K. Vornam, B. Rahayu, S. Siregar, I.Z. Kreft, H. Finkeldey, R. (2019). DNA barcoding of flowering plants in Sumatra, Indonesia. *Ecology and Evolution*. (9) 1858-68.
- Arsyadi, A. & Saputri, R. (2024). The first initiative of dna barcoding of *Palaquium rostratum* (miq.) burck from Bangka, Indonesia IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science. 1419: 012011.
- Hollingsworth, P.M. Graham, S.W. Little, D.P. (2011). Choosing and using a plant DNA barcode. *PLoS ONE*. 6(5): 1-13.
- John, W.K. Linda, M.P. Kyle, J.W. (2002). The Phylogeny and A New Classification of The Gingers (Zingiberaceae): Evidence from Molecular Data. *American Journal of Botany*. 89(11): 1682-1696
- Kang, Y. Dang, Z. Zang, R. (2017). DNA barcoding analysis and phylogenetic relationships of tree species in tropical cloud forests. *Science Report*. 7: 12564.
- 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 e508.
- Kumar, S. Stecher, G. Li, M. Knyaz, C. Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 35:1547-1549.
- Malik, S. Priya, A. Babbar, S.B. (2019). DNA Barcoding of Medicinal Orchid *Dendrobium discolor* Lindl. Tanimbar Using *rbcL* and ITS genes. *Physiology and Molecular Biology of Plants*. 25 (2): 327-337.
- Pamela, S.S. & Douglas, E.S. (2003). Applying the Bootstrap in Phylogeny Reconstruction. *Statistical Science*. 18(2): 256-267.



- Patel, N. Wesley, O.O. Nilesh, D.G. Sourabh, P. Karthik, H.N. Subramanian, S. (2025). DNA Barcoding-Based Molecular Profiling of Bougainvillea, Dianthus, and Plumeria using matK Locus. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*. 13(1): 119-126.
- Saitou, N. & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4: 406-425.
- Salindeho, R.A. Dwiyantri, F.G. Pratama, R. Matra, D.D. Majiudu, M. Fatlan, K.F. Siregar, I.Z. (2022). Understanding *Diospyros rumphii* Bakh from North Sulawesi through Long-read sequences analysis using MinION Oxford Nanopore Technologies. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*. 1188(2023): 1-9.
- Sameem, R. (2018). Application of PCR for the detection of universal fungi in infant food products sold in Sri Lanka. *International Journal of Scientific and Research Publication*. 8: 527-542.
- Saputri, R. Arsyadi A. Valen F.S. Wahyuni, W. (2023). Molecular identification of Pelawan Merah (*Tristaniaopsis merguensis* Griff.) as an endemic plant from Bangka Belitung Island using chloroplast DNA *rbcL* gene. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*. 1267: 012065.
- Saputri, R. & Arsyadi, A. (2024). DNA barcoding of Pelawan Kepuh (*Tristaniaopsis obovata* Benn) utilizing the *rbcL* Gene. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*. 1419: 012008.
- Stevanus & Made, P. (2021). Biodiversity and Phylogenetic Analyses Using DNA Barcoding *rbcL* Gene of Seagrass from Sekotong, West Lombok, Indonesia. *Biodiversitas*. 22(1): 50-57.
- Tamura, K. Nei, M. Kumar, S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)*. 101: 11030-11035.
- Torkian, B. Hann, S. Preisner, E. Norman, R.S. (2020). BLAST-QC: automated analysis of BLAST results. *Environmental Microbiome*. 15(15): 1-8.
- Zainuddin, N.J. Salim, N. Asib, N. Ashari, S.E. Omar, D. Lian, G.C. (2022). Genetic identification of an invasive plant (*Parthenium hysterophorus*) and its crude extract phytotoxicity against palm oil weed (*Diodia ocimifolia*). *Journal of Protection Research*. 62(2): 223-229.
- Zhang, D. Jiang, B. Duan, L. Zhou, N. (2016). Internal transcribed spacer (ITS), an ideal DNA barcode for species discrimination in *Crawfordia* wall. (*Gentianaceae*). *African Journal of Traditional, Complementary, and Alternative Medicines*. 13(6): 101-106.