*Journal of Natural Sciences* *ISSN 2721-5571 (Online)*
*Vol. 7 No. 3 November 2026: 271-280, DOI:* 10.34007/jonas.v7i3.1299

# Karakterisasi Molekuler Awal *Garcinia klabang* Miq. Asal Pulau Bangka Menggunakan Gen rbcL

# *Initial Molecular Characterization of Garcinia klabang Miq. from Bangka Island Using the rbcL Gene*

**Rinny Saputri* & A Arsyadi**
Jurusan Sains Alam dan Ilmu Formal, Fakultas Sains dan Teknik, Universitas Bangka Belitung, Indonesia

Disubmit: 01 Oktober 2026; Direview: 23 Oktober 2026; Disetujui: 20 November 2026

**Coresponding Email*: rinnysaputri@ubb.ac.id

**Abstrak**

*Garcinia klabang* Miq merupakan salah satu spesies tumbuhan endemik yang memiliki nilai konservasi tinggi dengan populasi yang sangat terbatas, namun identitas molekulernya masih belum banyak terdokumentasi. Penelitian ini bertujuan sebagai inisiai pertama identifikasi berbasis DNA dari Pohon *G. klabang* menggunakan gen rbcL. Sampling daun dilakukan di Hutan Konservasi Dusun Tuing Desa Mapur, Kecamatan Riau Silip, Kabupaten Bangka, Provinsi Kepulauan Bangka Belitung (1°43'07.9" S, 105°56'38.1" E). Analisis molekuler dilakukan melalui ekstraksi DNA, amplifikasi, dan sekuensing, menghasilkan panjang sekuens 553 pasangan basa. Analisis BLAST mengungkapkan bahwa sekuens yang diperoleh menunjukkan kemiripan 99,82% dengan spesies Garcinia gummi-gutta nomor aksesi KY684013.1 dan *Garcinia indica* nomor aksesi KY684010.1 yang berasal dari India dan spesies Garcinia oblongifolia dengan nomor aksesi KJ440046.1 berasal dari Shanghai, China. Analisis filogenetik juga menunjukkan bahwa sampel G klabang asal Pulau Bangka dalam penelitian ini berkerabat sangat dekat dengan spesies lain dari genus Garcinia lainnya. Temuan ini menunjukkan bahwa gen rbcL efektif untuk identifikasi pada tingkat genus dan belum memiliki resolusi yang cukup tinggi untuk konfirmasi tingkat spesies, sehingga analisis DNA dengan menggunakan penanda gen lainnya diperlukan untuk meningkatkan akurasi identifikasi G klabang hingga tingkat spesies.

***Kata Kunci**: Garcinia Klabang; DNA Barcoding; Gen Rbcl; Tumbuhan Endemik Bangka.*

***Abstract***

*Garcinia klabang Miq. is an endemic plant species of high conservation value with a highly limited population, yet its molecular identity remains poorly documented. This study aims to investigate the DNA-based identification of the G. klabang tree using the rbcL gene. Leaf sampling was conducted in the Conservation Forest of Pejem Hamlet, Gunung Pelawan Village, Belinyu District, Bangka Regency, Bangka Belitung Islands Province (1°43'07.9" S, 105°56'38.1" E). Molecular analysis was performed through DNA extraction, amplification, and sequencing, yielding a sequence length of 553 base pairs. BLAST analysis revealed that the obtained sequence shared 99.82% similarity with Garcinia gummi-gutta (accession number KY684013.1) and Garcinia indica (accession number KY684010.1) from India, as well as Garcinia oblongifolia (accession number KJ440046.1) from Shanghai, China. Phylogenetic tree analysis also showed that the G. klabang sample from Bangka Island in this study was very closely related to other species within the genus Garcinia. These findings suggest that the rbcL gene is effective for identification at the genus level but lacks sufficient resolution for species-level confirmation; therefore, DNA analysis using other genetic markers is required to improve the identification accuracy of G. klabang down to the species level*

***Keywords**: Garcinia Klabang; DNA Barcoding; Rbcl Gene; Endemic Plants Of Bangka.*

***How to Cite:*** Saputri, R., & Arsyadi. (2026). Karakterisasi Molekuler Awal *Garcinia klabang* Miq. Asal Pulau Bangka Menggunakan Gen rbcL. *Journal of Natural Sciences, 7 (3): 271-280*



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0

## PENDAHULUAN

Pulau Bangka termasuk dalam wilayah Provinsi Kepulauan Bangka Belitung memiliki keanekaragaman hayati yang khas, terutama pada ekosistem hutan kerangas dan hutan dataran rendah yang berkembang pada tanah berpasir, miskin unsur hara, serta memiliki tingkat keasaman tinggi (Whitten et al., 1984). Kondisi lingkungan yang unik tersebut menyebabkan terbentuknya berbagai spesies tumbuhan yang memiliki kemampuan adaptasi khusus, termasuk sejumlah tumbuhan endemik yang hanya ditemukan di wilayah ini. Salah satu spesies tumbuhan endemik yang memiliki nilai konservasi tinggi adalah *Garcinia klabang* Miq., Spesies ini sempat dianggap punah karena tidak ditemukan kembali selama lebih dari satu abad, hingga akhirnya berhasil ditemukan kembali di beberapa lokasi di Pulau Bangka dengan populasi yang sangat terbatas (Barker, 2020).

*Garcinia klabang* Miq. merupakan anggota dari famili Clusiaceae (POWO, 2026). Spesies ini pertama kali dideskripsikan oleh Miquel pada tahun 1861 dan sempat dianggap punah karena tidak ditemukan kembali sejak koleksi herbarium terakhir pada tahun 1857. Namun, penelitian terbaru berhasil menemukan kembali spesies ini di beberapa lokasi di Pulau Bangka, terutama pada ekosistem hutan kerangas yang memiliki karakteristik tanah berpasir, miskin unsur hara, dan bersifat asam. Habitatnya yang sangat terbatas serta tekanan akibat perubahan penggunaan lahan seperti pertambangan timah, perkebunan kelapa sawit, dan aktivitas pembangunan menyebabkan populasi *Garcinia klabang* menjadi sangat rentan dan dikategorikan sebagai spesies yang sangat terancam punah (critically endangered), sehingga diperlukan upaya konservasi baik secara in-situ maupun ex-situ untuk menjaga kelestariannya di alam (Papingka et al., 2025).

Upaya konservasi perlu dilakukan salah satunya menggunakan pendekatan molekuler. Informasi yang lengkap untuk DNA barcode spesies *Garcinia klabang* ini belum pernah dilakukan. Pendekatan yang dapat digunakan untuk memastikan identitas spesies adalah melalui identifikasi molekuler menggunakan teknik DNA barcoding (Saputri et al., 2023). Metode ini memanfaatkan sekuens DNA tertentu sebagai penanda genetik untuk mengidentifikasi spesies secara lebih akurat dibandingkan dengan pendekatan morfologi semata. Salah satu gen yang umum digunakan dalam DNA barcoding pada tumbuhan adalah gen rbcL (ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase) yang terdapat pada kloroplas (Saputri & Arsyadi, 2024).



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0

Gen rbcL banyak digunakan karena memiliki tingkat konservasi yang tinggi, mudah diamplifikasi menggunakan teknik PCR, serta memiliki basis data sekuens yang luas sehingga memungkinkan proses identifikasi dan analisis filogenetik secara lebih akurat (Kress & Erickson, 2007). Melalui analisis molekuler menggunakan gen rbcL, identitas spesies *Garcinia klabang* dapat diverifikasi serta dibandingkan dengan spesies lain dalam genus Garcinia untuk mengetahui hubungan kekerabatannya.

Berdasarkan uraian tersebut, inisiasi pertama DNA Barcoding melalui identifikasi molekuler tumbuhan endemik Bangka *Garcinia klabang* menggunakan gen rbcL menjadi sangat penting untuk dilakukan. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi ilmiah mengenai karakter genetik, sehingga dapat mendukung upaya konservasi dan pengelolaan keanekaragaman hayati secara berkelanjutan di Pulau Bangka.

## METODE PENELITIAN

Pengambilan sampel dilakukan pada bulan Oktober 2024 di Hutan Konservasi Dusun Tuing Desa Mapur, Kecamatan Riau Silip, Kabupaten Bangka, Provinsi Kepulauan Bangka Belitung (1°43'07.9" S, 105°56'38.1" E). Secara umum, wilayah ini berada di pesisir timur Pulau Bangka mencakup areal seluas ± 17,5 hektar yang menjadi sisa hutan sekunder/rimba darat bervegetasi rapat di lereng bukit. Kawasan ini tidak hanya berfungsi sebagai sumber daya alam, tetapi juga sebagai tempat pelestarian tradisi dan kearifan lokal masyarakat. 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 dari daun Nyatoh dilakukan menggunakan Qiagen DNeasy Plant Mini Kit di Laboratorium BIONESIA. Sampel daun terlebih dahulu dihancurkan hingga halus, kemudian ditimbang sebanyak 10 gram dan diproses untuk ekstraksi DNA mengikuti protokol yang direkomendasikan oleh kit tersebut. DNA hasil ekstraksi selanjutnya dimurnikan dan digunakan sebagai templat dalam proses *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Tahapan amplifikasi dilakukan sesuai dengan prosedur yang berlaku di Laboratorium BIONESIA. Primer yang digunakan dalam proses amplifikasi sampel daun adalah P609 (5'-GTA AAA TCA AGT CCA CCR CG-3') dan P610 (5'-ATG TCA CCA CAA ACA


This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.

GAG ACT AAA GC-3'). Campuran reaksi PCR terdiri atas 2 µL DNA templat, 1,25 µL masing-masing primer dengan konsentrasi 10 mM, 12,5 µL ready mix, serta 9 µL dd$H_2O$. Reaksi amplifikasi dilakukan menggunakan Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler dengan kondisi sebagai berikut: denaturasi awal pada suhu 94°C selama 3 menit, diikuti oleh 30 siklus yang masing-masing terdiri atas denaturasi pada 94°C selama 30 detik, annealing pada 58°C selama 30 detik, dan ekstensi pada 72°C selama 60 detik. Tahap akhir berupa ekstensi akhir dilakukan pada suhu 72°C selama 10 menit. Dalam penelitian ini, dd$H_2O$ digunakan sebagai kontrol negatif. Produk PCR yang dihasilkan kemudian dibandingkan ukurannya dengan penanda DNA 100 bp. Visualisasi dilakukan menggunakan elektroforesis gel agarosa 1% yang diwarnai dengan GelRed®. Selanjutnya, produk PCR dimurnikan menggunakan PCR Cleanup Kit (Geneaid) sesuai protokol pabrikan, dan dilanjutkan dengan proses sekuensing dua arah (forward dan reverse) menggunakan metode dideoksi Sanger di PT Genetika Science, Jakarta.

Data hasil sekuensing berupa berkas kromatogram (ab1) dianalisis secara komputasional. Urutan gen rbcL yang diperoleh selanjutnya diedit, dirakit menjadi sekuens konsensus, dan dikonversi ke dalam format FASTA menggunakan perangkat lunak SeqTrace v.0.9.0. Proses ini bertujuan menghasilkan kromatogram berkualitas tinggi yang ditandai oleh puncak yang terpisah jelas, berwarna tunggal, serta memiliki tingkat baseline noise yang minimal. Sekuens yang dihasilkan kemudian diedit dan disejajarkan (alignment) menggunakan algoritma ClustalW pada perangkat lunak MEGA XI. Setiap posisi nukleotida diperiksa secara manual untuk memastikan kualitas data yang optimal. Sampel dengan kualitas sekuen rendah diproses ulang melalui amplifikasi PCR dan sekuensing kembali. Selanjutnya, sekuens yang diperoleh dibandingkan dengan basis data GenBank (NCBI) menggunakan metode *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) melalui laman resmi NCBI. Tingkat kemiripan dan akurasi hasil pencocokan kemudian dianalisis dan didokumentasikan. Sekuens yang telah tervalidasi digunakan untuk konstruksi pohon filogenetik guna mengkaji hubungan evolusioner antar sampel serta mengonfirmasi hasil identifikasi berbasis BLAST hingga tingkat spesies. Analisis filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) berdasarkan model substitusi Tamura–Nei dengan ulangan bootstrap sebanyak 1000 kali menggunakan perangkat lunak MEGA XI. Selain itu, jarak genetik antar sekuens dihitung menggunakan pendekatan *Maximum Composite Likelihood* untuk mengestimasi divergensi evolusioner (Saitou & Nei, 1987; Kumar et al., 2018).



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Secara habitus, tumbuhan endemik Pulau Bangka ini berupa pohon berkayu berukuran kecil hingga sedang dengan tinggi tajuk mencapai 5–15 m, diameter batang setinggi dada (DBH) hingga 31,5 cm, serta sistem percabangan monopodial yang memproduksi eksudat berwarna putih kekuningan saat dilukai. Pada gambar 1, Sifat filotaksis daunnya bertipe tunggal dan saling berhadapan (*opposite-decussate*), ditopang oleh tangkai daun (*petiolus*) kaku berbentuk segitiga (*trigonous*) tanpa alur yang jelas. Helaian daun (*lamina*) berbentuk lonjong hingga menyempit (*oblong-lanceolate*) dengan tekstur kaku serupa kulit (*sub-coriaceous*), berujung runcing (*acutus*), serta memiliki tulang daun utama yang rata di permukaan atas namun menonjol tajam di permukaan bawah dengan vena lateral yang tersusun sangat rapat dan halus menuju vena marginal (Papingka et al., 2025).

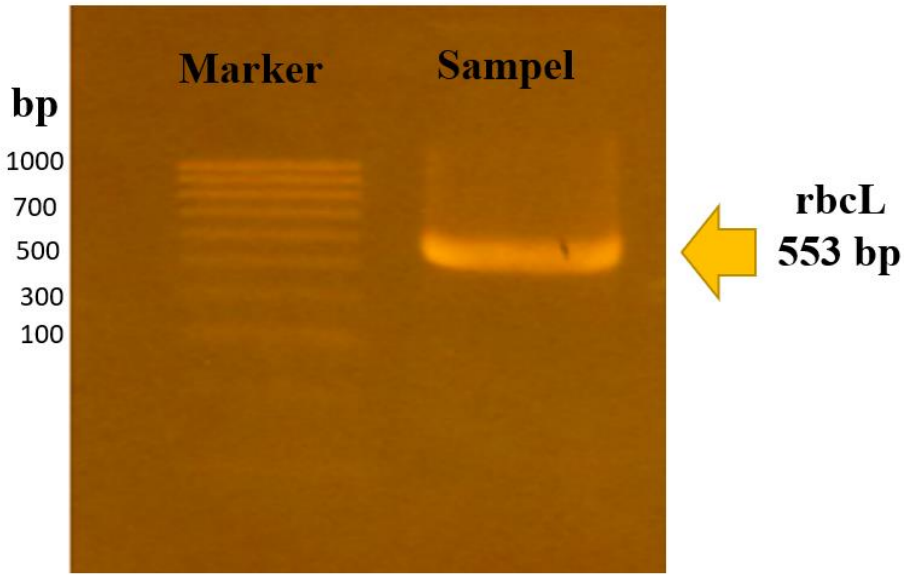



Gambar 1. Morfologi *Garcinia klabang* (dokumentasi pribadi, 2026)

Pada organ generatif, *G. klabang* menghasilkan buah buni berbentuk bulat memepat halus yang mengalami transisi warna dari hijau saat masih muda menjadi kuning terang ketika matang (Gambar 1). Struktur internal buah melalui irisan melintang memperlihatkan konfigurasi simetris yang terdiri atas 6 hingga 8 lokulus (ruang buah) berisi biji elips pipih diselimuti salut biji (aril) tipis berasa asam pekat yang menegaskan posisinya sebagai plasma nutfah lokal bernilai konservasi tinggi.


This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.

Visualisasi hasil PCR menunjukkan bahwa fragmen target *Garcinia klabang* teramplifikasi dengan sangat spesifik, ditandai oleh pita tunggal pada posisi tangga DNA yang sesuai. Melalui penggunaan primer rbcL, amplikon dari gen target berhasil diisolasi pada panjang 553 bp (Gambar 2).




Gambar 2. Visualisasi hasil PCR *Garcinia klabang* pada gel agarosa 1% dengan pewarnaan gel asam nukleat (GelRed®) menggunakan penanda DNA (M) 100 - 1000 bp dan primer rbcL.

Pita DNA yang terlihat jelas dan kuat (Gambar 2) menunjukkan bahwa reaksi PCR telah berjalan optimal, sehingga proses amplifikasi berjalan dengan baik dan hasil dapat dilanjutkan ke tahap berikutnya, yaitu purifikasi. Purifikasi dilakukan untuk menghilangkan komponen yang tidak diinginkan dari hasil PCR, seperti primer yang tersisa, nukleotida yang tidak terikat, serta enzim. Dalam penelitian ini, proses pemurnian dilakukan secara langsung dari hasil reaksi PCR, bukan melalui ekstraksi dari gel, karena DNA yang dihasilkan bersifat spesifik (tunggal) serta memiliki ukuran yang sesuai dengan target amplifikasi (Kress & Erickson, 2007).

Untuk mengidentifikasi tingkat kemiripan genetic dilakukan perbandingan urutan DNA *Garcinia klabang* (Tabel 1) dengan sekuens referensi di basis data GenBank melalui analisis BLAST (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov).

Tabel 1. Urutan Nukleotida *Garcinia klabang* berdasarkan gen rbcL dari Desa Mapur, Kecamatan Riau Silip, Bangka, Indonesia

| Nama spesies | Sekuen DNA |
|---|---|
| *Garcinia klabang* | AAGTGTTGGATTCAAGGCTGGTGTTAAAGAGTATAAATTGACTTATTATACTC<br>CTGAGTATGAAACAAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCT<br>CAACCTGGAGTTCCACCCGAAGAAGCAGGAGCTGCAGTAGCTGCGGAATCTTC<br>TACAGGTACATGGACAACTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGTCTTGATCGTT<br>ATAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATAT<br>ATTTGTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAA<br>TATGTTTACTTCCATTGTCGGTAATGTATTTGGATTCAAAGCCCTACGCGCTCT |



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0

| Nama spesies | Sekuen DNA |
|---|---|
| | ACGGCTGGAGGATTTGCGAATCCCTAAGGCTTATACTAAAACTTTCCAAGGCC CGCCTCATGGCATCCAAGTTGAAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGCCGCCCC CTATTGGGCTGTACTATTAAACCTAAATTGGGGCTATCCGCTAAGAATTATGG TAGAGCAGTTTATGAATGTCTC |

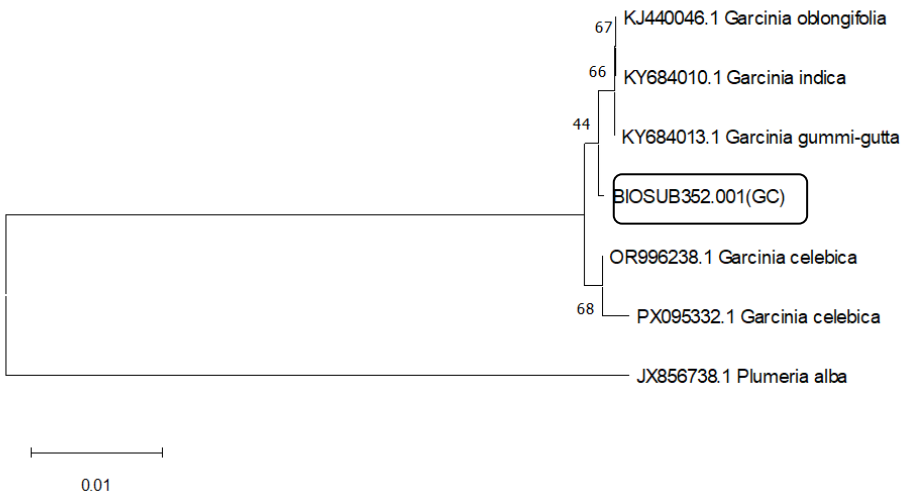
Hasil analisis BLAST menunjukkan bahwa sekuens yang diperoleh menunjukkan kemiripan 99,82% dengan spesies *Garcinia gummi-gutta* dengan nomor aksesi KY684013.1 dan *Garcinia indica* nomor aksesi KY684010.1 yang berasal dari India serta spesies *Garcinia oblongifolia* dengan nomor aksesi KJ440046.1 berasal dari Shanghai, China. Persentase tingkat kemiripan genetik (Perc.Ident) mencapai 100% (Tabel 2). Semakin tinggi tingkat kenampakan yang diperoleh maka semakin tinggi pula tingkat homologi kedua sekuen tersebut. Homologi yang tinggi menunjukkan rendahnya variasi genetik antar spesies. Nilai yang diharapkan (nilai E) adalah nol (0) menunjukkan keselarasan semua sekuens adalah signifikan.

Tabel 2. Identifikasi kesamaan spesies *Garcinia klabang* berdasarkan gen rbcL asal Pulau Bangka

| ID sampel | Spesies | Pasang Basa | Gen | Nomor Aksesi | Query cover (%) | Identitas (%) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| BIOSUB352.001 | *Garcinia klabang* | 553 | rbcL | KY684013.1 | 100 | 99.82 |
| | | | | KY684010.1 | 100 | 99.82 |
| | | | | KJ440046.1 | 100 | 99.82 |

Tingginya kemiripan genetik (99,82%) dengan nilai variasi yang sangat minim (hanya berselisih 0,18%) mengonfirmasi hubungan kekerabatan filogenetik yang amat dekat antara *G. klabang* dengan spesies *G. gummi-gutta, G. indica,* dan *G. oblongifolia*. Rendahnya variasi genetik antar-spesies ini merupakan konsekuensi logis dari penggunaan rbcL (ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase-oxygenase large subunit) sebagai marka berkloroplas. Gen rbcL secara evolusioner dikenal memiliki laju mutasi yang lambat dan bersifat sangat konservatif. Karakter gen rbcL yang konservatif ini sangat efektif untuk mengonfirmasi posisi taksonomi sampel pada tingkat genus (*Garcinia*). Meskipun demikian, karena kemiripannya terbagi sama rata (99,82%) di antara tiga spesies berbeda, marka tunggal rbcL memiliki keterbatasan dalam memberikan resolusi diskriminasi di tingkat spesies (species-level resolution) untuk *G. klabang* (Saputri et al., 2023; Saputri & Arsyadi, 2024).


This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.




Gambar 3. Pohon evolusi *Garcinia klabang* (GC) berdasarkan gen rbcL.

Konstruksi pohon filogenetik dalam penelitian ini memanfaatkan sekuens referensi dari GenBank untuk merekonstruksi sejarah evolusi dan memetakan hubungan kekerabatan leluhur-keturunan berdasarkan kesamaan karakter sekuens secara sistematik (Saputri & Arsyadi[a], 2026; Saputri & Arsyadi[b], 2026). Inferensi filogenetik berbasis jarak diselesaikan melalui metode Neighbor-Joining (Malik et al., 2019), dengan estimasi jarak evolusi—yang direpresentasikan oleh panjang cabang antar-taksa—dihitung menggunakan pendekatan Maximum Composite Likelihood dalam satuan jumlah substitusi basa per situs (Kang et al., 2017). Berdasarkan topologi pohon filogenetik yang dihasilkan (Gambar 3), seluruh spesies yang dianalisis terbagi secara tegas menjadi dua klaster utama (ingroup dan outgroup). Spesies *Plumeria alba* (Aksesi: JX856738.1) yang digunakan sebagai outgroup memisahkan diri pada pangkal pohon dengan jarak evolusi yang nyata, sehingga mengonfirmasi validitas struktur topologi pohon yang terbentuk.

Sampel BIOSUB352.001(GC) masuk ke dalam klaster utama (ingroup) bersama dengan spesies-spesies dari genus Garcinia. Di dalam klaster tersebut, sampel membentuk satu kelompok (*clade*) monofiletik yang sangat dekat dengan tiga spesies referensi, yaitu *Garcinia gummi-gutta* (KY684013.1), *Garcinia indica* (KY684010.1), dan *Garcinia oblongifolia* (KJ440046.1). Kedekatan ini didukung oleh nilai bootstrap sebesar 44% pada nodus percabangan internalnya, yang kemudian bercabang lagi menjadi sub-klaster G*. indica* (66%) dan G*. oblongifolia* (67%). Topologi pohon filogenetik ini juga memperlihatkan bahwa kelompok sampel BIOSUB352.001(GC) terpisah dari spesies *Garcinia celebica* (Aksesi: OR996238.1 dan PX095332.1) yang membentuk klaster



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0

tersendiri dengan dukungan nilai bootstrap sebesar 68%. Skala matriks jarak evolusi yang berada di bagian bawah pohon menunjukkan angka 0,01, yang menandakan bahwa tingkat substitusi basa per situs di antara spesies dalam ingroup Garcinia sangat rendah atau bersifat konservatif. Menurut Oktafia & Badruzsaufari (2021) hal ini mengindikasikan tingginya konservasi urutan basa pada marka gen kloroplas yang digunakan, sehingga variasi sekuens di antara spesies-spesies tersebut belum cukup kontras untuk memisahkan *Garcinia klabang* secara tegas dari kerabat dekatnya pada pohon filogenetik tunggal.

## SIMPULAN

Penelitian ini berhasil melakukan inisiasi pertama identifikasi berbasis DNA untuk tumbuhan endemik *Garcinia klabang* asal Pulau Bangka menggunakan gen rbcL. Analisis sekuensing sepanjang 553 bp menunjukkan tingkat kemiripan genetik yang tinggi (99,82%) serta hubungan kekerabatan yang sangat dekat dengan *Garcinia gummi-gutta*, *Garcinia indica,* dan *Garcinia oblongifolia*. Data tersebut berhasil mendukung karakterisasi molekuler awal dari Garcinia klabang, namun penanda rbcL memiliki keterbatasan resolusi pada tingkat spesies. Oleh karena itu, penggunaan marka gen lainnya sangat diperlukan pada penelitian mendatang untuk meningkatkan akurasi identifikasi spesies *Garcinia klabang* secara spesifik.

## UCAPAN TERIMAKASIH

Ucapan terimakasih kepada Universitas Bangka Belitung yang telah mendanai penelitian ini melalui Hibah Penelitian Skema Peneliti Muda Tahun 2026 SK NOMOR 20.22/UN50/SP/VI/2026 dan seluruh pihak terkait serta mahasiswa Program Studi Biologi yang telah banyak membantu dalam survey lokasi keberadaan *Garcinia klabang* di Pulau Bangka.

## DAFTAR PUSTAKA

Barker, A. (2020). Garcinia klabang. The IUCN Red List of Threatened Species 2020: e. T168657758A168908049. Retrieved from https://dx.doi.org/10.2305/IUCN. UK.2020-3.RLTS.T168657758A168908049.en.

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.



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.

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.

Oktafia, R. E., & Badruzsaufari. (2021). Analisis filogenetik Garcinia spp. berdasarkan sekuens gen rRNA. Ziraa'ah: Majalah Ilmiah Sains dan Teknologi, 46(2), 259–264.

Papingka, T., Nurtjahya, E., Robika, R., Sari, R., Yudaputra, A., & Robiansyah, I. (2025). Rediscovery and conservation of *Garcinia klabang* (Clusiaceae), a critically endangered tree last collected in 1857 and previously tagged as possibly extinct. Journal for Nature Conservation, 89: 127071.

POWO. (2026). *Garcinia klabang* Miq. Diakses dari https://powo.science.kew.org .06 April 2026.

Saitou, N. & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution. 4: 406-425.

Saputri, R. Arsyadi A. Valen F.S. Wahyuni, W. (2023). Molecular identification of Pelawan Merah (Tristaniopsis 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 (Tristaniopsis obovata Benn) utilizing the rbcL Gene. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science. 1419: 012008.

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), pp. 213–223. doi:10.34007/jonas.v6i3.1005.

Saputri, R. & Arsyadi, A.a, (2026). DNA barcoding of Pelawan Merah (Tristaniopsis merguensis Griff) from Bangka Islands utilizing nuclear DNA based on ITS gene. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 1580, p.012002.

Saputri, R., & Arsyadi, A.b (2026). DNA barcoding Palaquium rostratum dari Pulau Bangka menggunakan penanda ITS (Internal Transcribed Spacer). Journal of Natural Sciences, 7(2), 179–188. https://doi.org/10.34007/jonas.v7i2.1156

Whitten, A.J., Anwar, J., Damanik, S.J., Hisyam, N. (1984). Ekologi Ekosistem Sumatera. Yogyakarta: UGM Press.



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0