

## DNA Barcoding sebagai Inovasi Bioteknologi untuk Identifikasi dan Konservasi Tanaman Lokal: Suatu Tinjauan Sistematis

### (DNA Barcoding as a Biotechnology Innovation for the Identification and Conservation of Local Plants: A Systematic Review)

Syahriani<sup>1,2\*</sup>, Yusminah Hala<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Pendidikan Biologi, Universitas Negeri Makassar, Sulawesi Selatan-Indonesia

<sup>2</sup>Pendidikan Biologi, Universitas Islam Negeri Alauddin Makassar, Sulawesi Selatan-Indonesia

\*E-mail: syahriani.rahman@uin-alauddin.ac.id

**Abstrak:** Keterbatasan teknik identifikasi spesies yang akurat dan efisien pada berbagai tahap perkembangan serta kondisi sampel menjadi permasalahan utama dalam konservasi tanaman lokal. Pendekatan identifikasi konvensional berbasis morfologi sering mengalami kendala akibat variasi fenotip dan keterbatasan karakter diagnostik. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji potensi *DNA barcoding* sebagai inovasi bioteknologi dalam mendukung identifikasi dan konservasi tanaman lokal. Metode penelitian yang digunakan adalah studi literatur sistematis terhadap artikel ilmiah nasional dan internasional yang dipublikasikan pada periode 2020–2025. Sumber data diperoleh dari basis data PubMed, Scopus, ScienceDirect, dan Google Scholar, kemudian dianalisis secara tematik dengan mengelompokkan temuan berdasarkan jenis penanda genetik, prosedur identifikasi, serta relevansinya terhadap konservasi tanaman. Hasil kajian menunjukkan bahwa *DNA barcoding* merupakan teknik identifikasi spesies yang dilakukan melalui analisis sekuens asam deoksiribonukleat dari gen penanda standar yang bersifat spesifik. Dalam taksonomi tumbuhan, gen kloroplas yang umum digunakan sebagai penanda genetik meliputi *ribulose biphosphate carboxylase large chain*, *maturase K*, dan *internal transcribed spacer*. Sekuens genetik yang diperoleh selanjutnya dibandingkan dengan basis data global untuk menentukan kesesuaian spesies secara akurat. Teknik ini terbukti mampu memberikan identifikasi spesies secara cepat dan andal pada berbagai kondisi sampel. Dengan berbagai keunggulan tersebut, *DNA barcoding* memiliki potensi besar sebagai alat pendukung utama dalam upaya konservasi tanaman lokal.

**Kata Kunci:** DNA Barcoding, Bioteknologi, Konservasi Tanaman

**Abstract:** Limitations in accurate and efficient species identification techniques at various stages of development and sample conditions are major problems in the conservation of local plants. Conventional morphology-based identification approaches often encounter obstacles due to phenotypic variation and diagnostic character limitations. This study aims to examine the potential of DNA barcoding as a biotechnology innovation in supporting the identification and conservation of local plants. The research method used was a systematic literature study of national and international scientific articles published between 2020 and 2025. Data sources were obtained from the PubMed, Scopus, ScienceDirect, and Google Scholar databases, then analyzed thematically by grouping findings based on the type of genetic marker, identification

procedure, and relevance to plant conservation. The results of the study show that DNA barcoding is a species identification technique carried out through the analysis of deoxyribonucleic acid sequences from specific standard marker genes. In plant taxonomy, chloroplast genes commonly used as genetic markers include ribulose biphosphate carboxylase large chain, maturase K, and internal transcribed spacer. The genetic sequences obtained are then compared with a global database to accurately determine species suitability. This technique has been proven to provide fast and reliable species identification under various sample conditions. With these advantages, DNA barcoding has great potential as a key supporting tool in local plant conservation efforts.

**Keywords: DNA Barcode, Biotechnology, Plant Conservation**

## PENDAHULUAN

Indonesia adalah pusat megabiodiversitas dengan kekayaan tanaman lokal yang sangat penting sebagai sumber daya genetik, pangan, dan obat-obatan (Koetle *et al.*, 2025). Namun, kekayaan flora tersebut menghadapi ancaman serius akibat perusakan habitat yang masif, seperti deforestasi, alih fungsi lahan, dan fragmentasi ekosistem, yang berdampak langsung pada penurunan keanekaragaman hayati dan meningkatnya risiko kepunahan spesies tanaman, sehingga upaya konservasi yang efektif dan berkelanjutan menjadi suatu keharusan (Ikhsan *et al.*, 2024). Upaya konservasi yang berhasil sangat bergantung pada identifikasi spesies yang akurat (Wäldchen *et al.*, 2022). Secara tradisional, identifikasi menggunakan metode morfologi, tetapi cara ini memiliki keterbatasan, terutama pada sampel yang tidak utuh atau saat berhadapan dengan spesies yang sangat mirip (*spesies kriptik*), serta memerlukan keahlian taksonom yang mendalam (Marfuah *et al.*, 2021). Keterbatasan ini menghambat kecepatan dan akurasi inventarisasi keanekaragaman hayati. Oleh karena itu diperlukan pengaplikasian dari teknik DNA barcoding dengan prinsip mengenali spesies pada tingkat molekuler menggunakan penanda molekuler terstandar pada sekuens DNA (Jannah *et al.*, 2021).

DNA Barcoding merupakan inovasi bioteknologi yang merevolusi cara identifikasi spesies tanaman, menyediakan alat standar untuk diagnosis spesies, berkontribusi signifikan pada upaya konservasi, terutama untuk tanaman lokal dan deteksi spesies tersembunyi (Liu *et al.*, 2025). DNA Barcoding adalah metode untuk mengidentifikasi spesies dengan menganalisis sekuens DNA dari satu atau beberapa gen penanda standar yang spesifik. Dalam taksonomi tumbuhan, penanda genetik yang umum digunakan adalah gen kloroplas seperti *rbcL* (*ribulose biphosphate carboxylase large chain*), *matK* (*maturase K*), dan ITS (*Internal Transcribed Spacer*). Setelah sekuens DNA diperoleh, hasilnya dicocokkan dengan basis data global yang berisi DNA barcoding spesies yang sudah teridentifikasi (Simbolon *et al.*, 2021; Zhu *et al.*, 2022).

DNA barcode memiliki karakteristik yaitu sekuens DNA bersifat ortolog, mempunyai variabilitas yang dapat membedakan antar spesies (Aulia, 2021). Penerapan DNA Barcoding mempercepat verifikasi identitas spesies langka atau terancam, membantu inventarisasi flora secara masif, dan mendukung pembentukan basis data genetik yang vital untuk strategi perlindungan dan pemanfaatan berkelanjutan. Keunggulan utama DNA Barcoding adalah kemampuannya memberikan identifikasi yang cepat dan akurat pada semua tahap perkembangan tanaman dan pada berbagai kondisi sampel, bahkan pada produk olahan (Jabot *et al.*, 2025). Dengan

mempertimbangkan berbagai keunggulan yang ditawarkan, DNA barcoding memiliki potensi besar untuk menjadi alat utama dalam mendukung konservasi spesies tanaman lokal (Sumarlina & Napitupulu, 2025).

Sebagai bagian dari strategi global untuk melindungi keanekaragaman hayati, penggunaan teknologi molekuler ini perlu terus dikembangkan dan diintegrasikan dengan pendekatan konservasi lainnya (Latuconsina, 2021). Dengan demikian, identifikasi spesies berbasis DNA barcoding tidak hanya menjadi langkah inovatif tetapi juga solusi jangka panjang dalam menghadapi tantangan konservasi di era modern (Cahyaningsih *et al.*, 2022). Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengeksplorasi potensi DNA Barcoding sebagai inovasi bioteknologi sebagai kunci untuk mendukung identifikasi dan konservasi tanaman lokal (Queirós *et al.*, 2025).

## METODE PENELITIAN

Jenis penelitian ini merupakan penelitian kualitatif deskriptif berbasis Studi Literatur. Studi literatur adalah analisis kritis terhadap sumber yang diterbitkan dari literatur pada topik tertentu dengan memberikan ringkasan, klasifikasi, perbandingan dan evaluasi (Alif & Solihin, 2023). Sumber data terdiri atas artikel-artikel hasil penelitian yang dipublikasi melalui jurnal internasional maupun nasional dari tahun 2020 sampai dengan 2025. Penelusuran artikel dilakukan melalui basis data PubMed, Scopus, ScienceDirect, dan Google Scholar. Menggunakan Kombinasi Kata kunci “DNA Barcoding”, “Bioteknologi” dan “Konservasi Tanaman”.

Analisis data dilakukan melalui proses analisis tematik (*thematic analysis*) yaitu dengan mengidentifikasi topik dan tujuan penelitian untuk menetapkan fokus kajian. mengekstraksi data dari artikel yang lolos seleksi berdasarkan hasil pembacaan mendalam (judul, abstrak, isi utama, dan kesimpulan). Klasifikasi informasi berdasarkan aspek spesies tanaman lokal yang dianalisis, marker yang digunakan, lokasi penelitian, serta temuan utama yang dilaporkan dalam setiap artikel. Dan Sintesis naratif, yaitu penyusunan hasil temuan menjadi uraian deskriptif yang menggambarkan tren, kelebihan, tantangan, dan potensi DNA barcoding sebagai alat pendukung konservasi tanaman lokal.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan analisis terhadap 32 artikel yang memenuhi kriteria, diperoleh temuan-temuan signifikan yang bertujuan memastikan keakuratan identifikasi taksonomi serta mendukung basis data genetik tanaman lokal

**Tabel 1. Spesies Tanaman Lokal yang Digunakan dalam Analisis DNA Barcoding Menggunakan Marka Genetik Tertentu (rbcL, matK, atau ITS).**

| No | Penulis                | Spesies                               | Marker                                                       | Lokasi                                                | Temuan                                                                                                                                                                                                          |
|----|------------------------|---------------------------------------|--------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1  | Taariwuan et al., 2021 | <i>Cyrtosperma merkusii</i> (Dalugha) | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ) | Kepulauan Talaud dan Minahasa Selatan, Sulawesi Utara | Kemiripan sekuens gen rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ) mencapai 100% antar populasi, menunjukkan tidak ada variasi genetik signifikan. DNA barcoding efektif untuk identifikasi dan |

|   |                                   |                                                                         |                                               |                                     |                                                                                                                                                                                                                      |
|---|-----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------|-------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|   |                                   |                                                                         |                                               |                                     | verifikasi spesies tanaman pangan lokal.                                                                                                                                                                             |
| 2 | Su'udi, Budiyartini, et al., 2022 | <i>Dendrobium linearifolium</i>                                         | ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) | Indonesia (berbagai wilayah tropis) | Marker ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) efektif mengonfirmasi identitas genetik dan membedakan dari spesies <i>Dendrobium</i> lain dengan morfologi mirip. Mendukung pelestarian plasma nutfah anggrek. |
| 3 | Rohimah et al., 2020              | <i>Thrixspermum amplexicaule</i> , <i>T. centipeda</i> , <i>T. tsii</i> | ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) | Indonesia                           | Sekuens ITS2 ( <i>internal transcribed spacer</i> ) berhasil membedakan ketiga spesies secara genetik meskipun memiliki kemiripan morfologi tinggi. Variasi posisi basa tertentu menjadi penanda khas tiap spesies.  |
| 4 | Mursyidin, 2022                   | <i>Durio spp.</i>                                                       | DNA barcoding                                 | Kalimantan                          | Keragaman genetik relatif rendah namun analisis filogenetik mengungkap pola hubungan unik yang menegaskan asal-usul khas plasma nutfah durian Kalimantan.                                                            |
| 5 | Anita et al., 2023                | <i>Falcataria moluccana</i> (Sengon)                                    | cpDNA ( <i>chloroplast DNA</i> )              | Indonesia                           | Genom kloroplas lengkap ~153 kb dengan struktur LSC, SSC, dan dua IR. Kedekatan genetik dengan genus <i>Albizia</i> (Fabaceae). Basis molekuler untuk konservasi dan pemuliaan.                                      |
| 6 | Suriani et al., 2021              | <i>Zanthoxylum acanthopodium</i> (Andaliman)                            | matK ( <i>maturase K</i> )                    | Sumatera Utara                      | Seluruh sampel dari berbagai lokasi membentuk satu kelompok monofiletik. Gen matK ( <i>maturase K</i> ) efektif dalam mengidentifikasi dan membedakan dari spesies lain dalam genus yang sama.                       |
| 7 | Wardana et al., 2025              | <i>Lansium domesticum</i> (Duku/Langsar)                                | matK ( <i>maturase K</i> )                    | Sumatera Selatan                    | Adanya variasi genetik intraspesifik antar populasi. Gen matK ( <i>maturase K</i> ) efektif mendeteksi perbedaan genetik dan berpotensi untuk konservasi serta pemuliaan tanaman lokal.                              |

|    |                       |                                               |                                                                                                                                                                                |                            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|----|-----------------------|-----------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 8  | Magandhi et al., 2025 | <i>Durio testudinarius</i> (Durian Kura-kura) | matK ( <i>maturase K</i> ), SSR ( <i>Simple Sequence Repeats</i> )                                                                                                             | Kalimantan                 | Variasi genetik terbatas dengan beberapa alel unik SSR ( <i>Simple Sequence Repeats</i> ). Gen matK ( <i>maturase K</i> ), terbukti efektif sebagai penanda molekuler untuk membedakan dari spesies <i>Durio</i> lainnya.                                                                                                       |
| 9  | Aulia, 2021           | <i>Opuntia sp.</i>                            | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), matK ( <i>maturase K</i> ), ndhF ( <i>NADH dehydrogenase subunit F</i> )                                         | Studi in silico            | Lokus rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), tampil sebagai kandidat paling stabil, sedangkan matK ( <i>maturase K</i> ), menawarkan resolusi tambahan untuk spesies berkerabat dekat. Rekomendasi kombinasi cpDNA ( <i>chloroplast DNA</i> ) sebagai barcode.                                           |
| 10 | Turhadi & Hakim, 2023 | <i>Stelechocarpus spp.</i>                    | matK ( <i>maturase K</i> ), rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> ) | Studi in silico            | matK ( <i>maturase K</i> ) dan rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), adalah lokus paling informatif dan stabil, sementara psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> ) kurang konsisten. Terbatasnya sekuens referensi di database publik menyulitkan analisis. |
| 11 | Wangiyana, 2020)      | <i>Aquilaria dan Gyrinops</i> (Gaharu)        | matK ( <i>maturase K</i> ), trnL ( <i>transfer RNA Leucine</i> ) –trnF ( <i>transfer RNA Phenylalanine</i> )                                                                   | Indonesia                  | Marker matK ( <i>maturase K</i> ) dan trnL ( <i>transfer RNA Leucine</i> ) –trnF ( <i>transfer RNA Phenylalanine</i> ) dapat membedakan spesies penghasil gaharu dari asal geografis berbeda. Basis data mendukung identifikasi legal dan penanganan perdagangan ilegal.                                                        |
| 12 | Suhardi et al., 2024  | <i>Dipterocarpaceae</i> (vegetasi gambut)     | matK ( <i>maturase K</i> )                                                                                                                                                     | Danau Sentarum, Kalimantan | Spesies endemik lokal menunjukkan diversitas genetik lebih tinggi dibandingkan spesies penyebar luas. Klad unik untuk kawasan tersebut sebagai peta genetik konservasi.                                                                                                                                                         |
| 13 | Roslim et al., 2021   | <i>Syzygium sp.</i> (Durik-durik)             | ndhF ( <i>NADH dehydrogenase subunit F</i> )                                                                                                                                   | Riau                       | Sekuens ndhF ( <i>NADH dehydrogenase subunit F</i> ) memiliki variasi cukup untuk memisahkan                                                                                                                                                                                                                                    |

|    |                         |                                          |                                                                                                                                          |                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|----|-------------------------|------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 14 | Muthi'ah & Jannah, 2023 | <i>Citrus sp.</i> (Jeruk)                | ITS ( <i>internal transcribed spacer</i> )                                                                                               | Indonesia      | beberapa spesies sibling dalam genus <i>Syzygium</i> . Direkomendasikan sebagai alternatif marker untuk <i>Myrtaceae</i> . Varietas jeruk lokal membentuk klad tersendiri berbeda dari varietas impor. ITS ( <i>internal transcribed spacer</i> ) efektif untuk mengidentifikasi dan memetakan relasi genetik antar varietas lokal. |
| 15 | Nurbaiti et al., 2025   | <i>Cucurbitaceae</i>                     | matK ( <i>maturase K</i> ),, rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) | Indonesia      | Kombinasi marker memberikan resolusi identifikasi spesies lebih tinggi dibanding marker tunggal. Jenis marker optimal bervariasi tergantung genus dan takson.                                                                                                                                                                       |
| 16 | Meilina et al., 2024    | <i>Syzygium samarangense</i> (Jambu Air) | psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> )                                                     | Indonesia      | Variasi sekuens antar kultivar cukup signifikan untuk membedakan varietas. Marker psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> ) diusulkan sebagai alat validasi varietas dan sertifikasi.                                                                                                    |
| 17 | Lawodi et al., 2013     | <i>Solanum lycopersicum</i> (Tomat)      | matK ( <i>maturase K</i> ),                                                                                                              | Sulawesi Utara | Beberapa klaster genetik berbeda antar populasi dari pulau dan daerah berbeda, menunjukkan adaptasi lokal dan potensi sebagai donor dalam pemuliaan.                                                                                                                                                                                |
| 18 | Martiansyah, 2021       | <i>Syzygium spp.</i> (Mini review)       | matK ( <i>maturase K</i> ), rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), ITS ( <i>internal transcribed spacer</i> )     | Indonesia      | Penggunaan gabungan beberapa marker meningkatkan akurasi identifikasi spesies dan membantu memecahkan persoalan taksonomi. Strategi multilokus sangat penting.                                                                                                                                                                      |
| 19 | Chika et al., 2024      | <i>Syzygium samarangense</i> (Jambu Air) | ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> )                                                                                            | Indonesia      | Diferensiasi genetik kuat antar berbagai kultivar. ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) sangat efektif sebagai barcode untuk pemuliaan, inventarisasi varietas, dan pelestarian plasma nutfah.                                                                                                                             |

|    |                        |                                                                      |                                                                                                                                                     |                                    |                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|----|------------------------|----------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 20 | Wardi et al., 2020     | <i>Uncaria gambir</i> (Gambir)                                       | matK ( <i>maturase K</i> ),<br>rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> )                                                         | Sumatera Barat                     | Gen matK ( <i>maturase K</i> ), memiliki tingkat resolusi lebih tinggi dibanding rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ). Ditemukan diferensiasi geografis antar populasi. matK ( <i>maturase K</i> ), direkomendasikan sebagai marker utama. |
| 21 | Ryadi et al., 2023     | <i>Mangifera indica</i> ,<br><i>Spondias pinnata</i> (Anacardiaceae) | matK ( <i>maturase K</i> ),<br>rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> )                                                         | Indonesia                          | DNA barcoding mampu memisahkan spesies secara jelas dengan variasi genetik antarspesies yang signifikan. Referensi awal untuk famili Anacardiaceae di Indonesia.                                                                                                   |
| 22 | Sagala & Sogandi, 2022 | <i>Mangifera casturi</i> (Mangga Kasturi)                            | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ),<br>matK ( <i>maturase K</i> ),                                                        | Kalimantan Selatan                 | Gen matK ( <i>maturase K</i> ), lebih informatif dibanding rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ). Diversitas genetik antar aksesi lokal perlu dipertahankan melalui program konservasi.                                                     |
| 23 | Prasetya et al., 2020  | <i>Anaphalis longifolia</i> (Edelweiss)                              | matK ( <i>maturase K</i> ),                                                                                                                         | Sumatera Utara                     | Sekuens matK ( <i>maturase K</i> ), membedakan <i>Edelweiss</i> dengan spesies terkait dalam <i>Asteraceae</i> secara jelas. Variasi genetik minor mendukung pentingnya konservasi di habitat alami.                                                               |
| 24 | Khaira et al., 2024    | <i>Rhodomyrtus tomentosa</i> (Harimonting)                           | trnL ( <i>transfer RNA Leucine</i> ) – trnF ( <i>transfer RNA Phenylalanine</i> )                                                                   | Sumatera Utara                     | Fragmen DNA 359 pb dengan kandungan AT 66,10% dan GC 33,89%. Pohon filogenetik membagi spesies menjadi dua klad. Gen trnL ( <i>transfer RNA Leucine</i> ) – trnF ( <i>transfer RNA Phenylalanine</i> ) efektif untuk identifikasi.                                 |
| 25 | Rangkuti et al., 2021  | <i>Areaceae</i> (Rotan)                                              | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ),<br>matK ( <i>maturase K</i> ),<br>psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH | Gunung Walat, Sukabumi, Jawa Barat | Marker ITS1 ( <i>internal transcribed spacer 1</i> ) dan rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), paling efektif dalam mengidentifikasi spesies rotan di GWEF. Pentingnya DNA barcoding dalam konservasi rotan Indonesia.                     |

|    |                                    |                                                                |                                                                                                                                                             |                              |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|----|------------------------------------|----------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    |                                    |                                                                | (transfer RNA<br>Histidin)<br>ITS1 (internal<br>transcribed<br>spacer 1)                                                                                    |                              |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 26 | Arsyadi &<br>Saputri,<br>2024      | <i>Palaquium<br/>rostratum</i><br>(Nyatoh)                     | <i>rbcL</i> (ribulose<br>biphosphate<br>carboxylase<br>large chain)                                                                                         | Pulau<br>Bangka              | Fragmen DNA 606 bp<br>dengan kesamaan 99%<br>dengan <i>Palaquium</i> dari<br>Brunei. Efektif tingkat<br>genus, kurang efektif<br>tingkat spesifik.<br>Direkomendasikan<br>kombinasi ITS (internal<br>transcribed spacer), <i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> ), <i>rbcL</i><br>(ribulose biphosphate<br>carboxylase large chain). |
| 27 | Wahyuni et<br>al., 2024            | <i>Artemisia<br/>vulgaris</i>                                  | <i>rbcL</i> (ribulose<br>biphosphate<br>carboxylase<br>large chain),<br><i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> )                                                | Surabaya                     | Identitas sekuens >98%<br>dengan genus <i>Artemisia</i> .<br>Stomata anomositik<br>terdistribusi di ventral<br>daun. Pentingnya<br>identifikasi morfo-anatomi<br>dan DNA barcoding.                                                                                                                                               |
| 28 | Gunaedi et<br>al., 2024            | <i>Theobroma cacao</i><br>(Kakao) - patogen<br><i>Fusarium</i> | ITS ((internal<br>transcribed<br>spacer)                                                                                                                    | Yapsi,<br>Jayapura,<br>Papua | Identifikasi patogen<br><i>Fusarium solani</i> dengan<br>kesamaan nukleotida<br>>95%. DNA barcoding<br>penting untuk identifikasi<br>patogen tanaman dan<br>pengelolaan penyakit.                                                                                                                                                 |
| 29 | Su'udi,<br>Rosida, et<br>al., 2022 | <i>Vanda tricolor</i>                                          | <i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> ),<br><i>rbcL</i> (ribulose<br>biphosphate<br>carboxylase<br>large chain),<br>ITS2 (internal<br>transcribed<br>spacer 2) | Jember,<br>Jawa Timur        | Ketiga penanda genetik<br>efektif membedakan <i>V.</i><br><i>tricolor</i> dari spesies lain<br>dalam genus <i>Vanda</i> .<br>Pentingnya kombinasi<br>penanda untuk konservasi<br><i>orkid</i> .                                                                                                                                   |
| 30 | Wardani et<br>al., 2022            | <i>Fabaceae</i><br>(beberapa genus)                            | <i>rbcL</i> (ribulose<br>biphosphate<br>carboxylase<br>large chain),<br><i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> ),<br>ITS2 (internal<br>transcribed<br>spacer 2) | Indonesia                    | Kombinasi ketiga penanda<br>genetik efektif<br>membedakan spesies pada<br>tingkat genus dan spesies<br>dalam <i>Fabaceae</i> .<br>Pentingnya taksonomi<br>molekuler untuk<br>konservasi.                                                                                                                                          |
| 31 | Sundari et<br>al., 2022            | <i>Durio zibethinus</i> ,<br><i>Neesia malayana</i>            | <i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> )                                                                                                                        | Pulau<br>Ternate             | Fragmen pendek <i>matK</i><br>( <i>maturase K</i> ), (245 bp)<br>memiliki keberhasilan<br>sekuensing terbatas dan<br>kualitas rendah.<br>Disarankan penggunaan                                                                                                                                                                    |

|    |                      |                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                           |                         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|----|----------------------|---------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    |                      |                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                           |                         | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), atau ITS2 ( <i>internal transcribed spacer 2</i> ) yang lebih panjang untuk akurasi lebih baik.                                                                                                                                                                                                             |
| 32 | Basyuni et al., 2024 | 14 spesies mangrove ( <i>Acrostichum aureum</i> , <i>Avicennia spp.</i> , dll.) | rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), matK ( <i>maturase K</i> ), psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> ) ITS ( <i>internal transcribed spacer</i> ) | Sumatera Utara dan Aceh | Primer rbcL ( <i>ribulose biphosphate carboxylase large chain</i> ), psbA ( <i>polipeptida D1 fotosistem II</i> ) – trnH ( <i>transfer RNA Histidin</i> ), ITS ( <i>internal transcribed spacer</i> ), dan matK ( <i>maturase K</i> ), memiliki tingkat keberhasilan amplifikasi tertinggi. Database referensi untuk memperkuat penilaian keanekaragaman hayati mangrove. |

Tabel ini menyajikan ringkasan berbagai penelitian mengenai penerapan DNA barcoding pada tanaman lokal Indonesia yang mencakup beragam spesies, famili, marker genetik, dan lokasi penelitian. Secara umum, studi-studi tersebut menunjukkan bahwa DNA barcoding efektif digunakan untuk identifikasi spesies, analisis keragaman genetik, serta penelusuran hubungan filogenetik guna mendukung konservasi dan pemuliaan tanaman lokal. Marker yang paling sering digunakan meliputi rbcL (*ribulose biphosphate carboxylase large chain*) dan matK (*maturase K*) dari genom kloroplas, serta ITS (*internal transcribed spacer*) dan ITS2 (*internal transcribed spacer 2*) dari genom nuklir, dengan efektivitas yang bervariasi bergantung pada tingkat taksonomi dan kelompok tumbuhan yang dikaji. Gen rbcL umumnya bersifat stabil dan informatif pada tingkat genus, sedangkan matK (*maturase K*) dan ITS/ITS2 memberikan resolusi lebih tinggi dalam membedakan spesies berkerabat dekat dan mendeteksi variasi genetik intraspesifik. Beberapa penelitian juga menegaskan bahwa penggunaan kombinasi beberapa marker (*multilokus*) meningkatkan akurasi identifikasi, sehingga DNA barcoding berperan penting sebagai dasar ilmiah dalam konservasi plasma nutfah, pelestarian spesies endemik, dan pengelolaan keanekaragaman hayati tanaman lokal secara berkelanjutan.

## DNA Barcoding

DNA barcoding merupakan teknologi molekuler yang semakin mendapat perhatian dalam upaya identifikasi spesies, terutama tanaman lokal karena keunggulannya (Akbar *et al.*, 2025). DNA Barcoding menawarkan beberapa keunggulan, yaitu; akurasi tinggi mampu membedakan spesies yang sulit dibedakan secara morfologi, bahkan spesies yang memiliki kemiripan fisik (Srivastava & Manjunath, 2020). Identifikasi universal dapat digunakan untuk mengidentifikasi bagian tanaman apa pun, bahkan sampel yang tidak lengkap, rusak, atau dalam bentuk olahan seperti herbal

(Wulandari *et al.*, 2021). Deteksi spesies samar (*cryptic species*) mampu mengungkap spesies baru yang secara genetik berbeda namun secara morfologi terlihat sama. Identifikasi cepat prosesnya lebih cepat dan efisien, sehingga sangat efektif untuk pemantauan keanekaragaman hayati dalam skala besar. Standarisasi, memungkinkan perbandingan data identifikasi secara global melalui database sekuens DNA Publik, seperti GenBank (Rohimah *et al.*, 2020).

### DNA Barcoding sebagai Inovasi Bioteknologi

DNA barcoding merupakan salah satu metode konservasi pada tingkat molekuler dengan cara identifikasi genetik suatu tumbuhan (Herman *et al.*, 2025). Protokol untuk DNA barcoding biasanya melibatkan beberapa langkah kunci, seperti ekstraksi DNA, amplifikasi PCR, pengurutan, dan analisis data. Pertama, DNA diekstraksi dari jaringan atau spesimen organisme yang diinginkan menggunakan berbagai metode ekstraksi, seperti ekstraksi berbasis silika, ekstraksi berbasis CTAB, atau kit ekstraksi DNA komersial. Kemudian, wilayah DNA spesifik, seperti subunit 1 sitokrom c oksidase di daerah plastid ribulosa bifosfat karboksilase subunit besar (*rbcL*) dan *maturase K* (*matK*) pada tumbuhan, dapat diamplifikasi menggunakan reaksi berantai polimerase (PCR) dengan primer yang dirancang untuk menargetkan wilayah barcode. Langkah ini menghasilkan beberapa salinan fragmen DNA untuk pengurutan. Selanjutnya, fragmen DNA yang telah diamplifikasi diurutkan menggunakan pengurutan Sanger atau teknologi pengurutan throughput tinggi seperti Illumina, PacBio, atau Oxford Nanopore. Urutan yang dihasilkan mewakili DNA barcoding organisme (Rattray *et al.*, 2024). Urutan DNA barcoding yang diperoleh dibandingkan dengan basis data referensi seperti BOLD (*Barcode of Life Data Systems*) atau GenBank dari *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) untuk mengidentifikasi spesies. Perangkat bioinformatika digunakan untuk menganalisis urutan, melakukan penyelarasan, dan menilai jarak genetik untuk identifikasi spesies (Kamillah, 2025).

Beberapa penelitian telah dilakukan menggunakan metode *in silico*. Penelitian oleh Turhadi & Hakim (2023) DNA barcoding yang masih sedikit informasinya untuk jenis *Stelechocarpus*. Penelitian ini dilakukan secara insilico dengan mengekstrak sekuen penanda kloroplas meliputi *rbcL*, *trnL-F*, *matK*, *psbA-trnH*, dan *ndhF* yang terdapat pada pangkalan data NCBI. Hasil penelitian yang dilakukan menunjukkan bahwa hanya diperoleh 18 nomor sekuen lokus kloroplas dari dua jenis pada genus *Stelechocarpus*, meliputi *S. burahol* dan *S. cauliflorus*. Lokus *psbA-trnH* dan *ndhF* mengindikasikan dapat digunakan sebagai penanda untuk studi keragaman genetik pada *S. burahol*. Di sisi lain, lokus *rbcL*, *trnL-F*, dan *matK* mengindikasikan dapat digunakan untuk studi keragaman genetik pada genus *Stelechocarpus*.

Penelitian Vertiana *et al.* (2023) dengan studi *in silico* menggunakan database Genbank (NCBI). Sekuen DNA yang dikoleksi dari database pada NCBI yaitu terdiri dari region inti sel dan plastida, yakni *rbcL*, *matK*, ITS, *psbA* dan *trnL*. Analisis data penyejajaran sekuen, identifikasi sekuen yang berpotensi sebagai barcode dan konstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan menggunakan MEGA X. Analisis bioinformatik pohon filogenetik *Heliconia* menunjukkan bahwa hasil algoritma UPGMA Tree menggunakan gen *matK* dan *rbcL* sekuen parsial sangat konservatif dan gagal dalam diskriminasi spesies, sedangkan region ITS memiliki tingkat variasi genetik tinggi dan kemampuan diskriminasi yang baik. Region *psbA* dan *trnL* dianggap sebagai gen

pelengkap untuk identifikasi tumbuhan khususnya *Heliconia*, karena kurangnya ketersediaan akses online untuk spesies-spesies tumbuhan.

Penelitian Su'udi *et al.* (2024) dengan identifikasi secara molekuler menggunakan sekuen matK dan ITS2 sebagai barcode dalam DNA barcoding diharapkan menjadi salah satu lokus pembeda spesies anggrek *B. lobbii* secara akurat dan efisien. Hasil Penelitian menunjukkan sekuen ITS2 dapat mengidentifikasi spesies dari tingkatan subspecies atau diatasnya (ordo atau genus) dan juga meningkatkan resolusi filogenetik yang baik pada hasil BLAST, sedangkan sekuen matK memberikan sedikit kontribusi dalam pengelompokkan hubungan kekerabatan antara spesies *B. lobbii* dengan spesies pembanding lainnya. Sekuen ITS2 dapat direkomendasikan sebagai penanda molekuler yang paling baik untuk identifikasi sampel anggrek *Bulbophyllum*, khususnya *Bulbophyllum lobbii*.

### Peran DNA Barcoding dalam Konservasi Tanaman Lokal

Inventarisasi dan pemantauan keanekaragaman hayati, DNA barcoding membantu dalam membuat inventarisasi yang komprehensif dan akurat terhadap keanekaragaman tanaman lokal, terutama di daerah yang sulit dijangkau atau belum banyak diteliti. Identifikasi spesies langka dan terancam punah, Dengan mengidentifikasi spesies secara molekuler, DNA Barcoding dapat membantu melacak dan melindungi spesies langka atau terancam punah (Mursyidin, 2022). Hal ini membantu memprioritaskan upaya konservasi dan mencegah kepunahan. Konservasi *ex-situ*: Teknik ini memastikan keaslian koleksi di kebun raya atau bank gen, sehingga data genetiknya terjamin untuk tujuan konservasi di luar habitat aslinya. Memerangi perdagangan ilegal, DNA barcoding dapat digunakan untuk mengidentifikasi produk tanaman ilegal, seperti tanaman obat yang dicuri atau produk kayu dari spesies yang dilindungi, dengan mencocokkan DNA-nya dengan basis data referensi. Autentikasi produk herbal dan makanan, Untuk tanaman lokal yang memiliki nilai ekonomi, seperti tanaman obat atau rempah, DNA barcoding dapat memverifikasi keaslian produk. Ini mencegah substitusi dengan spesies lain yang mungkin tidak memiliki khasiat atau bahkan berbahaya (Letsiou *et al.*, 2024).

DNA barcoding memiliki kemampuan untuk mendeteksi dan mengidentifikasi spesies berdasarkan fragmen pendek DNA yang relatif stabil dan memiliki variasi antarspesies yang cukup tinggi. Fragmen yang paling sering digunakan dalam identifikasi tanaman adalah gen plastida seperti matK dan rbcL, serta intergenic spacer seperti psbA-trnH (Sumarlina & Napitupulu, 2023). Marker genetik tersebut telah digunakan dalam berbagai penelitian untuk mengidentifikasi spesies tanaman langka yang sebelumnya sulit dibedakan dengan metode morfologi. Sebagai contoh, penelitian oleh Iswuryani (2022) pada tanaman kenari (*Canarium vulgare*) menunjukkan bahwa penggunaan DNA barcoding memberikan hasil identifikasi yang lebih akurat dibandingkan metode konvensional. Penelitian Narayana *et al.* (2025) DNA barcoding membantu dalam identifikasi praktik pemalsuan dan substitusi pada obat botani lokal *Maramanjil/Daruharidra*. DNA barcoding dapat terbukti menjadi alat yang efektif untuk menemukan pemalsuan dan substitusi *Maramanjil/ Daruharidra*. Penelitian Poommouang *et al.* (2025), menunjukkan bahwa kurva leleh HKY-Nuer dan HKY-Tai sangat mirip. *Smilax sp.* (*S. corbularia* atau *S. glabra*) Dan *P. herbacea*, masing-masing. Temuan ini menunjukkan potensi DNA barcoding yang dipadukan dengan HRM sebagai

alat yang efektif untuk identifikasi tepat spesies *Hua-Khao-Yen* yang merupakan tanaman obat lokal Thailand. Penelitian Cahyaningsih *et al.* (2022) menunjukkan bahwa DNA barcoding berperan penting dalam identifikasi dan konservasi tumbuhan obat Indonesia dengan menguji empat penanda genetik (ITS2, matK, rbcL, dan trnL) pada 61 spesies dari 30 famili. Hasilnya, matK menjadi marker paling efektif untuk identifikasi tingkat spesies, sementara kombinasi beberapa marker memberikan akurasi terbaik. Studi ini juga menghasilkan data barcoding baru untuk sejumlah spesies endemik, memperkaya basis data genetik nasional dan internasional. Temuan ini menegaskan bahwa DNA barcoding tidak hanya mempermudah identifikasi spesies yang morfologinya mirip, tetapi juga mendukung konservasi tanaman lokal melalui pemantauan populasi, dan perlindungan spesies langka.

### Prospek Masa Depan

Prospek masa depan penggunaan DNA barcoding dalam identifikasi cepat, konservasi genetik, serta penguatan basis data tanaman lokal Indonesia sangat baik. Barcoding berpotensi besar dalam mendukung konservasi keanekaragaman hayati melalui karakterisasi genetik spesies tumbuhan lokal dan endemik secara efisien (Akbar *et al.*, 2025). Integrasi teknologi ini dengan AI dan bioinformatika akan mempercepat transformasi bioteknologi menuju sistem konservasi berbasis data genetik yang lebih akurat dan efisien (Zubaidah *et al.*, 2024). Penggabungan DNA barcoding dengan analisis berbasis AI meningkatkan efisiensi klasifikasi spesies tanaman. Dalam jangka panjang, DNA barcoding tidak hanya akan memperkuat ketahanan ekosistem, tetapi juga DNA barcoding berperan penting dalam pembuatan database genetik tanaman lokal sebagai upaya konservasi dan pengembangan industri bioteknologi berbasis sumber daya lokal (Sumarlina & Napitupulu, 2025). Penerapan DNA barcoding telah terbukti meningkatkan transparansi rantai pasok produk herbal dan mendukung bioekonomi berkelanjutan. Dengan semakin majunya teknologi sekuensing DNA, ke depan DNA barcoding akan menjadi bagian integral dalam upaya pelestarian dan pemanfaatan biodiversitas secara berkelanjutan.

### KESIMPULAN

DNA Barcoding merupakan inovasi bioteknologi yang merevolusi cara identifikasi spesies tanaman, menyediakan alat standar untuk diagnosis spesies, berkontribusi signifikan pada upaya konservasi, terutama untuk tanaman lokal dan deteksi spesies tersembunyi. DNA Barcoding adalah metode untuk mengidentifikasi spesies dengan menganalisis sekuen DNA dari satu atau beberapa gen penanda standar yang spesifik. Dalam taksonomi tumbuhan, penanda genetik yang umum digunakan adalah gen kloroplas seperti *rbcL* (*ribulose biphosphate carboxylase large chain*), *matK* (*maturase K*), dan ITS (*Internal Transcribed Spacer*). Setelah sekuen DNA diperoleh, hasilnya dicocokkan dengan basis data global yang berisi kode batang DNA spesies yang sudah teridentifikasi.

### DAFTAR PUSTAKA

Akbar, H., Rangkuty, S. M., Siregar, R. J., & Sitanggang, W. P. (2025). Peran Dna Barcoding Dalam Identifikasi Spesies Tanaman Langka Dalam Upaya Konservasi Keanekaragaman Hayati the Role of Dna Barcoding in Identification of Rare Plant

- Species in Biodiversity Conservation Efforts. *Jurnal Saintifik*, 23(2), 209–214.
- Alif, M., & Solihin, O. (2023). Kajian Tinjauan Literatur dalam Penelitian Sosial. *Jurnal Signal*, 11(2).
- Anita, V. P. D., Matra, D. D., & Siregar, U. J. (2023). Chloroplast genome draft assembly of *Falcataria moluccana* using hybrid sequencing technology. *BMC Research Notes*, 16(1), 1–4. <https://doi.org/10.1186/s13104-023-06290-6>
- Arsyadi, A., & Saputri, R. (2024). The first initiative of dna barcoding of *palaquium rostratum* (miq.) burck from Bangka, Indonesia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1419(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1419/1/012011>
- Aulia, A. (2021). Studi In Silico Potensi DNA Barcode Berbasis DNA Kloroplas (CpDNA) untuk Identifikasi Variasi Genetik *Opuntia* sp. *Jurnal Syntax Admiration*, 3(11). <https://doi.org/https://doi.org/10.46799/jsa.v3i11.512>
- Basyuni, M., Syahbana, R., Rangkuti, A. B., Pradisty, N. A., Susilowati, A., Siregar, L. A. M., Mustanirroh, S. S. A., Aznawi, A. A., Mubaraq, A., Ardli, E. R., Larekeng, S. H., Leopardas, V., Isowa, Y., & Kajita, T. (2024). Mangrove plants using deoxyribonucleic acid barcodes for enhancing biodiversity and conservation. *Global Journal of Environmental Science and Management*, 10(3), 1391–1410. <https://doi.org/10.22034/gjesm.2024.03.27>
- Cahyaningsih, R., Compton, L. J., Rahayu, S., Brehm, J. M., & Maxted, N. (2022). DNA Barcoding Medicinal Plant Species from Indonesia. *Plants*, 11(10), 1–22. <https://doi.org/10.3390/plants11101375>
- Chika, S., Dwi Meilina, T., Arfan, M. R., Febriana, A., & Sari Mukaromah, A. (2024). Genetic Variation of Wax Apple (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry) Cultivar using Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2). *Floribunda*, 7(4). <https://doi.org/10.55981/floribunda.v7i4.2024.3910>
- Gunaedi, T., Tanjung, R. H. R., & Manwan, S. W. (2024). DNA Barcoding of Cacao Pod Rot Fungi in Papua Province. *East Asian Journal of Multidisciplinary Research*, 3(2), 671–680. <https://doi.org/10.55927/eajmr.v3i2.8294>
- Herman, H., Sari, M., Multivasari, N., & Roslim, D. I. (2025). DNA Barcoding Analysis Kitolod (*Hippobroma longiflora*) from Riau Based on *matk* Gene. *Jurnal Biologi Tropis*, 25(1), 653–659. <https://doi.org/10.29303/jbt.v25i1.8479>
- Ikhsan, Z., Ode, I., Samson, E., Mariane, I., Ashar, J. R., & Pangestuti, R. (2024). *Keanekaragaman Hayati Tumbuhan*. Tohar Media.
- Iswuryani, E. O. (2022). *Dna Barcoding Tumbuhan Kenari (Canarium Vulgare) Koleksi Kebun Raya Bogor*.
- Jabot, F., Auger, G., Bonnal, P., Pizaine, M., Roncoroni, M., Revaillet, S., & Pottier, J. (2025). Use of massive DNA barcoding to monitor biodiversity: A test on forest soil macrofauna. *Forest Ecology and Management*, 595(July). <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2025.123004>
- Jannah, M., Hariri, M. R., Kasiamdari, R. S., & Handayani, N. S. N. (2021). The use of DNA barcoding and phylogenetic analysis to improve identification of *usnea* spp. based on ITS rDNA. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 6(1). <https://doi.org/10.22146/JTBB.58635>
- Kamillah, W. O. (2025). Eksplorasi In Silico Gen Rbel Pada *Dioscorea alata*: Keragaman Genetik Untuk Ketahanan Pangan Masa Depan. *Jurnal Biologi Makassar*, 10(2),

31–43.

- Khaira, N., Tambunan, E. P. S., & Idami, Z. (2024). DNA Barcoding Pada Tumbuhan Harimonting (*Rhodomyrtus tomentosa*) Menggunakan Gen trnL-F. *Best Journal (Biology Education Science & Technology)*, 7(1), 373–379.
- Koetle, M. J., Henriques, M. S. J., Masondo, N. A., Makunga, N. P., & Amoo, S. O. (2025). Decades of medicinal plant biotechnology research in South Africa: The success, challenges, and prospects. *South African Journal of Botany*, 186(April), 616–642. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2025.09.037>
- Latuconsina, H. (2021). *Ekologi Ikan Perairan Tropis: Biodiversitas Adaptasi Ancaman dan Pengelolaannya*. UGM Press.
- Lawodi, E. ., Tallei, T. ., Mantiri, F., & Kolondam, B. (2013). Variasi Genetik Tanaman Tomat Dari Beberapa Tempat Di Sulawesi Utara Berdasarkan Gen Matk. *Pharmakon Jurnal Ilmiah Farmasi*, 2(4), 114–121.
- Letsiou, S., Madesis, P., Vasdekis, E., Montemurro, C., Grigoriou, M. E., Skavdis, G., Moussis, V., Koutelidakis, A. E., & Tzakos, A. G. (2024). DNA Barcoding as a Plant Identification Method. *Applied Sciences (Switzerland)*, 14(4), 1–12. DOI: <https://doi.org/10.3390/app14041415>
- Liu, H. L., Chen, Z. T., Wu, X. L., Cai, P., & Pu, D. Q. (2025). Genetic diversity and DNA barcoding of *Coccinella septempunctata* (Coleoptera: Coccinellidae) from central China. *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*, 18(3), 580–586. <https://doi.org/10.1016/j.japb.2025.01.006>
- Magandhi, M., Matra, D. D., & Kusumo, Y. W. E. (2025). Analisis keragaman genetik durian kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) berdasarkan marka morfologi, DNA barcoding dan simple sequence repeat. *AGRIKA*, 22(1), 44–53.
- Marfuah, S., Kolondam, B. J., & Tallei, T. E. (2021). Potensi Environmental DNA (e-DNA) Untuk Pemantauan dan Konservasi Keanekaragaman Hayati. *Jurnal Bios Logos*, 11(1), 75. <https://doi.org/10.35799/jbl.11.1.2021.31780>
- Martiansyah, I. (2021). Mini Review: Pendekatan molekuler DNA barcoding: Studi kasus identifikasi dan analisis filogenetik *Syzygium* (Myrtaceae). *Prosiding Seminar Nasional Biologi*.
- Meilina, T. D., Chika, S., Hariri, M. R., Febriana, A., & Mukaromah, A. S. (2024). psbA-trnH Intergenic Spacer profile of Wax Apple (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry) Cultivars. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 29(4), 548–553. <https://doi.org/10.18343/jipi.29.4.548>
- Mursyidin, D. H. (2022). Pengenalan Teknik ‘DNA Barcoding’ untuk Mendukung Upaya Konservasi Tumbuhan Langka di Kalimantan Selatan. *Jurnal Pengabdian ILUNG (Inovasi Lahan Basah Unggul)*, 1(3), 64. <https://doi.org/10.20527/ilung.v1i3.4185>
- Mursyidin, D. H., & Makruf, M. I. (2020). Keanekaragaman dan Kekerabatan Genetik *Artocarpus* Berdasarkan Penanda DNA Kloroplas matK & rbcL: Kajian in Silico. *Floribunda*, 6(5). <https://doi.org/10.32556/floribunda.v6i5.2020.322>
- Muthi’ah, S. N., & Jannah, M. (2023). Analisis Filogenetik pada Spesies Jeruk (*Citrus* spp.) berdasarkan Sekuens ITS Secara In Silico. *Bio Sains: Jurnal Ilmiah Biologi*, 2(2), 62–66.
- Narayana, S. K. K., Kaira, P., Karthikeyan, M., Shanmugam, M., Sundharamoorthy, S.,

- Andalil, R., Kallingil Gopi, D., Prakasam, R., Ramachandran, S., & Arumugam, K. (2025). Integrating macro-microscopy, DNA barcoding and HPTLC for quality assessment of berberine containing botanicals traded as Maramanj/Daruharidra. *Journal of Ayurveda and Integrative Medicine*, 16(5), 101192. <https://doi.org/10.1016/j.jaim.2025.101192>
- Nurbaiti, N., Roslim, D., & Herman, H. (2025). A DNA Barcoding Multilocus Analysis in the Cucurbitaceae Family. *Jurnal Biologi Tropis*, 25(2), 1221–1230. <https://doi.org/10.29303/jbt.v25i2.8702>
- Poommouang, A., Ninson, T., Tamee, T., Nangngam, P., Khumpirapang, N., & Buddhachat, K. (2025). Distinguishing Dioscorea and Smilax species as potential Hua-Khao-Yen using DNA barcoding coupled with high resolution melting analysis (Bar-HRM). *Phytomedicine Plus*, 5(4), 100887. <https://doi.org/10.1016/j.phyplu.2025.100887>
- Prasetya, E., Prakasa, H., Jannah, M., & Rachmawati, Y. (2020). DNA Barcoding Edelweiss (*Anaphalis longifolia*) Asal Sumatera Utara menggunakan Sekuen Gen maturase K. *Jurnal Biosains*, 6(3). <https://doi.org/10.24114/jbio.v6i3.22403>
- Queirós, J., Silva, R., Pinho, C. J., Vale-Gonçalves, H. M., Pita, R., Alves, P. C., Beja, P., Paupério, J., & Porto, M. (2025). The InBIO Barcoding Initiative Database: contribution to the knowledge of DNA barcodes of the vascular plants of north-eastern Portugal. *Biodiversity Data Journal*, 13. <https://doi.org/10.3897/BDJ.13.e142020>
- Rangkuti, B., Arida Susilowati, Ulfa Juniarti Siregar, Laswi Irmayanti, & Iskandar Zulkarnain Siregar. (2021). DNA Barcoding of Rattan (*Arecaceae*) From Gunung Walat Education Forest, Sukabumi-West Java. *Journal of Sylva Indonesiana*, 4(01), 45–53. <https://doi.org/10.32734/jsi.v4i01.5563>
- Ratray, R. D., Stewart, R. D., Niemann, H. J., Olaniyan, O. D., & van der Bank, M. (2024). Leafing through genetic barcodes: An assessment of 14 years of plant DNA barcoding in South Africa. *South African Journal of Botany*, 172, 474–487. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.07.055>
- Rohimah, S., Ratnasari, T., & Su'Udi, M. (2020). Characteristics of DNA Barcodes from Three *Thrixspermum* Orchids Based on ITS2 Regions. *Biosaintifika*, 12(3), 446–452. <https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v12i3.23737>
- Roslim, D. I., Fitriani, A., & Kajuik, D. (2021). Barkoding DNA pada Tumbuhan Durik-Durik (*Syzygium* sp.) Asal Riau Menggunakan Daerah Gen *ndhF*. *Jurnal Bios Logos*, 11(28), 41–46.
- Ryadi, A., Siregar, I., Moura, C. de M., Gailing, O., & Amandita, F. Y. (2023). An Early Reference to DNA Barcode for the Anacardiaceae Family. *HAYATI Journal of Biosciences*, 30(3), 543–550. <https://doi.org/10.4308/hjb.30.3.543-550>
- Sagala, Z., & Sogandi. (2022). DNA barcoding of Mango Casturi (*Mangifera casturi*) origin of South Borneo Based on DNA chloroplas *rbcL* gene and *matK* gene. *Jurnal Ilmu Kefarmasian Indonesia*, 20(1), 38–43.
- Simbolon, A. R., Putra, M. Y., & Wirawati, I. (2021). Species identification using DNA barcoding in supporting the cultivation and conservation of sea cucumber in Lampung waters. *Jurnal Riset Akuakultur*, 16(1), 31–37.
- Srivastava, D., & Manjunath, K. (2020). DNA Barcoding of Endemic and Endangered Orchids of India: A Molecular Method of Species Identification. *Pharmacognosy*

Magazine.

- Su'udi, M., Budyartini, D. W., & Ramadany, Z. (2022). DNA barcoding anggrek *Dendrobium linearifolium* Teijsm. & Binn. berdasarkan penanda molekuler ITS2. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*.
- Su'udi, M., Rosida, W., Ravitamala, E. S., & Setyati, D. (2022). DNA Barcoding of *Vanda tricolor* Lindl. Based on matK, rbcL and ITS2 Sequences. *Proceedings of the 4th International Conference on Life Sciences and Biotechnology (ICOLIB 2021)*. [https://doi.org/10.2991/978-94-6463-062-6\\_61](https://doi.org/10.2991/978-94-6463-062-6_61)
- Su'udi, M., Ulum, F. B., Ardiyansah, M., & Fitri, N. E. (2024). Evaluasi Lokus Potensial matK dan ITS2 Untuk DNA Barcoding Anggrek *Bulbophyllum lobbii* Lindl. *Al-Kauniyah: Jurnal Biologi*, 17(2), 406–418. <https://doi.org/10.15408/kauniyah.v17i2.33897>
- Suhardi, R. E., Fajri, H., Aditya, A. P., & Vallahayil, F. A. (2024). Phylogenetic analysis of the Dipterocarpaceae family in the peatland vegetation of Danau Sentarum National Park using in silico approaches based on MatK sequences. *Indonesian Journal of Biotechnology and Biodiversity*, 8(3), 114–126.
- Sumarlina, S., & Napitupulu, T. S. (2023). Evaluasi Aplikasi DNA Barcode Lokus psbA-trnH pada Genus *Momordica*. *Jurnal Biotek*, 11(2), 182–195. <https://doi.org/10.24252/jb.v11i2.37914>
- Sumarlina, S., & Napitupulu, T. S. (2025). Analisis Bibliometrik Perkembangan Aplikasi DNA Barcode pada Tanaman Buah di Indonesia. *Jurnal Kridatama Sains Dan Teknologi*, 7(01), 583–594. <https://doi.org/10.53863/kst.v7i01.1699>
- Sundari, S., Mas'ud, A., Arumingtyas, E. L., & Wahyudi, D. (2022). Using Short Sequence matK Gene as Barcode DNA For Identification of *Durio* Sp In Ternate Island. *Jurnal Biosilampari: Jurnal Biologi*, 5(1), 50–56. <https://doi.org/10.31540/biosilampari.v5i1.1528>
- Suriani, C., Prasetya, E., Harsono, T., Manurung, J., Prakasa, H., Handayani, D., Jannah, M., & Rachmawati, Y. (2021). Dna barcoding of andaliman (*Zanthoxylum acanthopodium* dc) from north sumatra province of indonesia using maturase k gene. *Tropical Life Sciences Research*, 32(2), 15–28. <https://doi.org/10.21315/tlsr2021.32.2.2>
- Taariwuan, M., 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.
- Turhadi, T., & Hakim, L. (2023). Evaluasi Lokus Kloroplas untuk DNA Barcoding pada Marga *Stelechocarpus* (Annonaceae) Secara In-Silico. *Agro Bali: Agricultural Journal*, 6(1), 56–64. <https://doi.org/10.37637/ab.v6i1.1105>
- Vertiana, E. V., Oksari, A. A., & Hariri, M. R. (2023). Studi Perbandingan Kode Batang DNA Inti dan Kloroplas pada *Heliconia* In Silico. *Bio Sains: Jurnal Ilmiah Biologi*, 2(2).
- Wahyuni, D. K., Indriati, D. T., Ilham, M., Murtadlo, A. A. A., Purnobasuki, H., Junairiah, Purnama, P. R., Ikram, N. K. K., Samian, M. Z., & Subramaniam, S. (2024). Morpho-anatomical characterization and DNA barcoding of *Artemesia vulgaris* L. *Brazilian Journal of Biology*, 84, 1–15. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.278393>
- Wäldchen, J., Wittich, H. C., Rzanny, M., Fritz, A., & Mäder, P. (2022). Towards more

- effective identification keys: A study of people identifying plant species characters. *People and Nature*, 4(6), 1603–1615. <https://doi.org/10.1002/pan3.10405>
- Wangiyana, I. G. A. S. (2020). Dna Barcoding Library Database of Aquilaria Member and Gyrinops Member. *Jurnal Silva Samalas*, 3(2), 68. <https://doi.org/10.33394/jss.v3i2.3693>
- Wardana, S. T., Hanum, L., Nursela, D., Aminasih, N., & Kasiamdari, R. S. (2025). DNA Barcoding Using the Chloroplast Gene MatK for Genetic Diversity Analysis of Lansium domesticum Corr. Plants Growing in South Sumatra, Indonesia. *Biosfer: Jurnal Tadris Biologi*, 16(1), 37–49.
- Wardani, I. G. A. K., Amandita, F. Y., de Melo Moura, C. C., Gailing, O., & Siregar, I. Z. (2022). Molecular taxonomy via DNA barcodes for species identification in selected genera of Fabaceae. *Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Alam Dan Lingkungan*, 12(1), 112–122. <https://doi.org/10.29244/jpsl.12.1.112-122>
- 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.
- Wulandari, E. F., Mawikere, N. L., & Abbas, B. (2021). Keragaman Morfologi dan Genetik Beberapa Aksesori Tanaman Sagu (Metroxylon Sagu Rottb.) Berdasarkan Penanda Molekuler Gen Mat-K. *Cassowary*, 4(1), 68–86. <https://doi.org/10.30862/cassowary.cs.v5.i1.93>
- Zhu, S., Liu, Q., Qiu, S., Dai, J., & Gao, X. (2022). DNA barcoding: an efficient technology to authenticate plant species of traditional Chinese medicine and recent advances. *Chinese Medicine (United Kingdom)*, 17(1), 1–17. <https://doi.org/10.1186/s13020-022-00655-y>
- Zubaidah, Z., Panggabean, T., Alvito, P., Akbar, Z., & Nadia, C. M. (2024). Sistem Kecerdasan Buatan dalam Bioinformatika : Trend dan Potensi di Masa Depan. *Jurnal Sistem Informasi Dan Ilmu Komputer*, 3(1), 24–31. <https://doi.org/10.59581/jusiik-widyakarya.v3i1.4430>