

DNA Barcoding *Palaquium rostratum* dari Pulau Bangka Menggunakan Penanda ITS (*Internal Transcribed Spacer*)

DNA Barcoding of Palaquium rostratum from Bangka Island using ITS (Internal Transcribed Spacer) Gene

Rinny Saputri* & A. Arsyadi

Jurusan Sains Alam dan Ilmu Formal, Fakultas Sanis dan Teknik, Universitas Bangka Belitung, Indonesia

Disubmit: 30 April 2026; Direview: 10 Juni 2026; Disetujui: 18 Juli 2026

*Corresponding Email: rinnysaputri@ubb.ac.id

Abstrak

Palaquium rostratum (Nyatoh), flora identitas Bangka Belitung, merupakan pohon tropis yang memiliki nilai ekologis penting, namun identitas molekulernya masih belum banyak terdokumentasi. Penelitian ini bertujuan untuk menyelidiki lebih lanjut identifikasi berbasis DNA dari Pohon Nyatoh (*Palaquium rostratum*) yang berasal dari Pulau Bangka menggunakan gen *Internal Transcribed Spacer* (ITS). Sampel daun dikumpulkan dari Bukit Pelangas, Kabupaten Bangka Barat. Analisis molekuler dilakukan melalui ekstraksi DNA, amplifikasi, dan sekuensing, menghasilkan panjang sekuens 683 pasangan basa. Analisis BLAST mengungkapkan bahwa sekuens yang diperoleh menunjukkan kemiripan 100% dengan spesies *Palaquium rostratum* nomor aksesori KF686283.1 yang berasal dari Pulau Kalimantan. Analisis filogenetik juga menunjukkan bahwa sampel Nyatoh asal Pulau Bangka ini berada pada satu klad yang sama dengan spesies *Palaquium rostratum* yang berasal dari Pulau Kalimantan tersebut. Temuan ini menunjukkan bahwa gen ITS efektif untuk identifikasi pada tingkat genus dan memiliki resolusi yang cukup tinggi untuk konfirmasi tingkat spesies karena sebelumnya kami telah menganalisis dengan gen *RBCL* tetapi tidak dapat mengkonfirmasi hingga tingkat spesies. Sehingga analisis DNA dengan menggunakan penanda ITS berhasil meningkatkan akurasi identifikasi Nyatoh hingga tingkat spesies.

Kata Kunci: DNA Barcoding; Nyatoh; Marker ITS; *Palaquium Rostratum*; Identitas Tumbuhan

Abstract

Palaquium rostratum (Nyatoh), the floral emblem of Bangka Belitung, is an ecologically important tropical tree whose molecular identity remains poorly documented. This study aimed to evaluate the effectiveness of the nuclear *Internal Transcribed Spacer* (ITS) region for DNA barcoding and species-level identification of *P. rostratum* from Bangka Island, Indonesia. Leaf samples were collected from Bukit Pelangas, followed by DNA extraction, PCR amplification, and sequencing. The ITS region generated a sequence length of 683 bp. BLAST analysis showed 100% sequence similarity with *Palaquium rostratum* accession KF686283.1 from Kalimantan, indicating high species identity. Phylogenetic analysis further placed the Bangka accession within the same clade as the Kalimantan reference, confirming its taxonomic placement and close genetic affinity. In contrast to previous analyses using the chloroplast *rbcl* marker, which lacked sufficient resolution for species-level discrimination, the ITS marker provided improved discriminatory power and enabled reliable species confirmation. These findings demonstrate that ITS is a robust DNA barcode for accurate identification of *P. rostratum* and highlight its utility for molecular authentication, phylogenetic assessment, and conservation genetics of native tropical flora. This study also contributes baseline genetic data for the conservation of Nyatoh as an identity species of Bangka Belitung.

Keywords: DNA Barcoding; Nyatoh; ITS Marker; *Palaquium Rostratum*; Floral Identity

How to Cite: Saputri, R. & Arsyadi, A. (2026). DNA Barcoding *Palaquium rostratum* dari Pulau Bangka Menggunakan Penanda ITS (*Internal Transcribed Spacer*). *Journal of Natural Sciences*. *Journal of Natural Sciences*. 7(2): 178-188



PENDAHULUAN

Keanekaragaman hayati Indonesia, khususnya flora endemik dan lokal, merupakan sumber daya genetik penting yang memiliki nilai ekologis, evolusioner, dan konservasi tinggi. Salah satu spesies pohon lokal yang memiliki nilai strategis adalah *Palaquium rostratum* (Nyatoh), anggota famili Sapotaceae yang tumbuh di hutan tropis dataran rendah dan dikenal sebagai penghasil kayu bernilai ekonomi tinggi (Miftakhi *et al.*, 2021). Di Provinsi Kepulauan Bangka Belitung, nyatoh telah ditetapkan sebagai flora identitas daerah, yang menunjukkan pentingnya spesies ini tidak hanya dari sisi ekologis, tetapi juga sebagai simbol kekayaan hayati lokal (Arsyadi & Saputri, 2024).

Identifikasi spesies secara morfologis pada genus *Palaquium* memiliki tantangan tersendiri karena adanya kemiripan karakter antarspesies, plastisitas fenotip akibat pengaruh lingkungan, serta keterbatasan karakter diagnostik terutama pada fase vegetatif (Muchtar, 2024). Kondisi ini dapat menyebabkan kesalahan identifikasi taksonomi yang berdampak pada validitas data biodiversitas dan strategi konservasi. Oleh karena itu, pendekatan DNA barcoding berkembang sebagai metode yang efektif untuk autentikasi spesies, analisis hubungan filogenetik, serta inventarisasi keragaman genetik tumbuhan (Saputri *et al.*, 2023; Saputri & Arsyadi, 2024).

Di antara berbagai penanda molekuler, *Internal Transcribed Spacer* (ITS) merupakan marker nuklir yang memiliki tingkat evolusi relatif cepat, variasi interspesifik tinggi, dan resolusi taksonomi yang baik untuk identifikasi spesies tumbuhan (Fu *et al.*, 2024). Penanda ITS telah banyak digunakan dalam studi DNA barcoding dan filogenetik (Xie *et al.*, 2023) karena mampu membedakan spesies berkerabat dekat secara lebih efektif dibanding marker kloroplas seperti *rbcl* (Saputri & Arsyadi, 2025).

Meskipun penelitian DNA barcoding tumbuhan telah berkembang pesat, kajian molekuler terhadap *Palaquium rostratum* sebagai flora identitas Bangka Belitung masih sangat terbatas. Studi yang ada umumnya berfokus pada karakter morfologi, aspek ekologi, atau identifikasi berbasis marker kloroplas yang memiliki daya diskriminasi terbatas pada tingkat spesies. Hingga saat ini, belum tersedia data sekuens ITS *Palaquium rostratum* dari Pulau Bangka yang dapat digunakan sebagai referensi genetik lokal maupun sebagai basis analisis filogenetik dan konservasi. Keterbatasan ini menunjukkan adanya research gap yang perlu diisi melalui penelitian berbasis DNA barcoding.

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian DNA Barcoding Pohon Nyatoh (*Palaquium rostratum*) Asal Pulau Bangka Menggunakan Penanda ITS (*Internal Transcribed Spacer*) penting dilakukan sebagai upaya identifikasi molekuler, inventarisasi sumber daya genetik, serta penguatan dasar ilmiah bagi konservasi flora identitas Bangka Belitung secara berkelanjutan.

METODE PENELITIAN

Pengambilan sampel dilakukan pada bulan Juni 2025 di Bukit Pelangas, Kecamatan Simpang Teritip, Kabupaten Bangka Barat, Kepulauan Bangka Belitung (1°54'11.2"S; 105°21'26.8"E) dengan didampingi oleh pihak pengelola kelompok sadar wisata (pokdarwis) Desa Pelangas yang juga membantu dalam konfirmasi spesies pohon Nyatoh yang digunakan dalam penelitian ini. Secara umum, Bukit Pelangas terletak di Kabupaten Bangka Barat, Kepulauan Bangka Belitung. Menurut Kemen LHK No 2044 tahun 2017, Bukit Pelangas memiliki luasan ±90,27 ha pada kawasan hutan produksi tetap. Bukit Pelangas merupakan hutan adat yang dikelola oleh masyarakat Suku Jering, yang memiliki nilai budaya dan ekologis yang tinggi. Hutan ini tidak hanya berfungsi sebagai sumber daya alam, tetapi juga sebagai tempat pelestarian tradisi dan kearifan lokal masyarakat (Mutiarra *et al.*, 2025). 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 amplifikasi adalah ITS1F (5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3') dan ITS4R (5'-TCC TCC GCT TAT ...-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 ddH₂O. Reaksi amplifikasi dilakukan menggunakan *Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler* dengan kondisi sebagai berikut: denaturasi awal pada



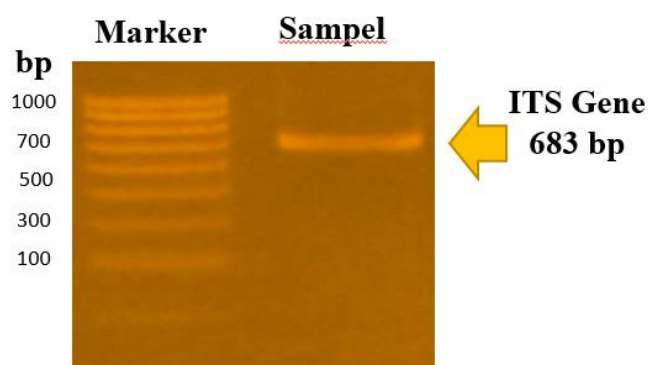
suhu 94°C selama 3 menit, diikuti oleh 30 siklus yang masing-masing terdiri atas denaturasi pada 94°C selama 30 detik, annealing pada 58°C selama 30 detik, dan ekstensi pada 72°C selama 60 detik. Tahap akhir berupa ekstensi akhir dilakukan pada suhu 72°C selama 10 menit. Dalam penelitian ini, ddH₂O digunakan 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 ITS 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 sekuens 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; Tamura *et al.*, 2004; Kumar *et al.*, 2018).

HASIL DAN PEMBAHASAN



Berdasarkan hasil amplifikasi PCR *Palaquium rostratum* menunjukkan bahwa fragmen target diamplifikasi dengan baik, dengan pita tunggal yang tervisualisasi secara spesifik pada tangga DNA yang tepat. Gen ITS target yang berhasil diamplifikasi menjadi produk PCR atau amplicon ditemukan pada posisi 683 bp menggunakan primer ITS (Gambar 1). Pita tunggal tersebut berada pada ukuran sekitar 683 bp, sesuai dengan ukuran yang diharapkan untuk daerah ITS menggunakan pasangan primer ITS1 dan ITS4. Keberadaan pita tunggal tanpa adanya pita non-spesifik maupun smear menunjukkan bahwa kualitas DNA genom yang diekstraksi masih baik, primer memiliki spesifisitas tinggi terhadap daerah target, serta kondisi PCR yang digunakan telah optimal sehingga menghasilkan amplicon yang layak untuk proses sekuensing dan analisis filogenetik lebih lanjut (Phang *et al.*, 2023). Penggunaan marka ITS diketahui memiliki tingkat variasi nukleotida yang relatif tinggi dibandingkan marka kloroplas, sehingga sangat efektif untuk membedakan spesies yang berkerabat dekat dan banyak dimanfaatkan dalam studi sistematika tumbuhan serta DNA barcoding.



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

Pita DNA yang tampak jelas dan intens (Gambar 1) menunjukkan bahwa kondisi PCR telah optimal, sehingga amplifikasi berlangsung dengan baik dan produk dapat dilanjutkan ke tahap berikutnya, yaitu purifikasi. Tahap purifikasi dilakukan untuk menghilangkan komponen non-target dari produk PCR, seperti primer sisa, nukleotida bebas, dan enzim. Dalam penelitian ini, proses pemurnian tidak dilakukan melalui ekstraksi dari gel, melainkan langsung dari produk reaksi PCR, mengingat pita DNA yang dihasilkan bersifat spesifik (tunggal) dan memiliki ukuran yang sesuai dengan target amplifikasi (Kress & Erickson, 2007).

Tabel 1. Urutan Nukleotida *Palaquium rostratum* berdasarkan gen ITS dari Hutan Pelangas, Bangka Barat, Indonesia

Spesies	Sekuens
<i>Palaquium rostratum</i>	AAGGATCATTGTGCGAAAATCTGCTGAACAAAACAACTCGCGAACCAAGTATTATAACA ACCAACGGGGGTCATTGTGGCAGGCTTCATGGATGCCTCCACTCTTTGTGCCCTGG CCAGGTGCGCTCTTGAATTGCGTTTCCTTGGCTAAAAACAACTCCGACGCGAATTG CGTCAAGGAACCTAAACAAGAGGAGCGCCCCCTACTCTCGTTGCGGAGTGAAGTTAC GGGGGCTAGCTGTCTTTTCATGAACATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTC TCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCG TGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGGCCAGGGCACGC CTGCCCTGGGCGTCTCACATCGCGTCGCCCCCAACCTGTGCCGCAAAGGGTTGTTG CGTTGAGGGGGCGGATTTTGGCCCCCGTGC GCGCTAGTTGCGGGTCGGCCTAAATG TGTAAGTCTGGGCGACGAATGTCACGACGAGTGGTGGATGTGTGATACCGTTGCGT CACGTCGTGCACATCTTGAGCCCCGGGTTGTTTTGTTTTGACTCTAAAGCACCGT TTCGACGGAGCTCGATTGCGACCCAGGTCAGGCGGGATTACCCGCTGAGTTTAA

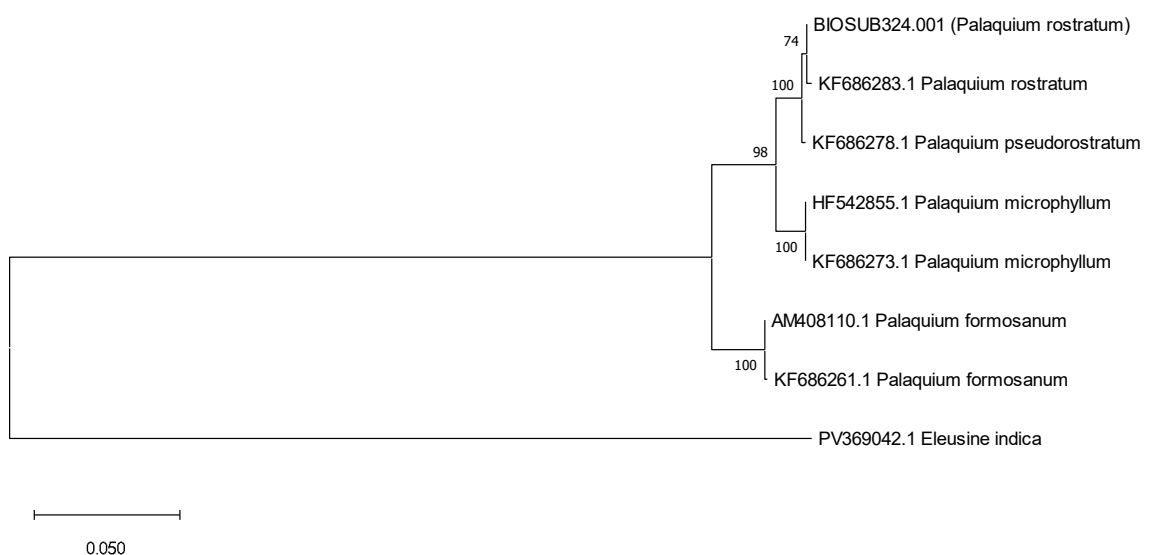
Urutan DNA Nyatoh selanjutnya dianalisis dan dibandingkan dengan sekuens pada basis data *GenBank* melalui metode BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) untuk mengidentifikasi homologi urutannya (Tabel 1). Hasil analisis BLAST menunjukkan bahwa ITS dari sampel BIOSUB324.001 mempunyai homologi yang tinggi dengan spesies *Palaquium rostratum* dengan nomor aksesori KF686283.1 yang berasal dari Pulau Kalimantan. Persentase tingkat kemiripan genetik (*Perc.Ident*) mencapai 100% (Tabel 2). Semakin tinggi tingkat kenampakan yang diperoleh maka semakin tinggi pula tingkat homologi kedua sekuens tersebut. Homologi yang tinggi menunjukkan rendahnya variasi genetik antar spesies. Nilai yang diharapkan (nilai E) adalah nol (0) menunjukkan keselarasan semua sekuens adalah signifikan.

Nilai *percent identity* atau homologi yang tinggi, yang didukung oleh *E-value* rendah serta *query cover* yang besar, menunjukkan bahwa sekuens query memiliki tingkat kemiripan yang sangat tinggi dengan sekuens yang terdapat dalam basis data, sekaligus mengindikasikan kedekatan hubungan evolusioner. Secara matematis, *percent identity* dihitung sebagai persentase jumlah residu identik terhadap panjang alignment (Torkian *et al.*, 2020). Di sisi lain, *query cover* didefinisikan sebagai proporsi panjang sekuens query yang berhasil disejajarkan dengan sekuens homolog dalam basis data (Kress & Erickson, 2007). Nilai *query cover* yang tinggi mencerminkan bahwa sebagian besar sekuens input terakomodasi dalam proses alignment, sehingga meningkatkan tingkat keandalan hasil pencocokan. Secara umum, apabila sekuens target dalam basis data mencakup hampir seluruh panjang sekuens query, maka nilai *query cover* berada pada kisaran 95-100%.

Tabel 2. Identifikasi dan kesamaan spesies *Palaquium rostratum* berdasarkan gen ITS dari Hutan Pelangas , Bangka Barat, Indonesia

ID sampel	Spesies	Pasang Basa	Gen	Nomor Akses	Query cover	Identittas
BIOSUB324.001	<i>Palaquium rostratum</i>	683	ITS	KF686283.1	100%	100%

Sekuens referensi yang diperoleh dari basis data digunakan dalam konstruksi pohon filogenetik sebagai pendekatan untuk menggambarkan hubungan evolusioner antarorganisme, sekaligus merekonstruksi sejarah evolusi serta keterkaitan antara leluhur dan keturunannya. Hubungan tersebut ditentukan berdasarkan kesamaan karakter sekuens sebagai dasar perbandingan melalui analisis sistematik (Saputri & Arsyadi, 2026). Rekonstruksi sejarah evolusi dalam penelitian ini dilakukan menggunakan metode Neighbor-Joining, yang umum digunakan untuk inferensi filogenetik berbasis jarak (Malik *et al.*, 2019). Pohon yang dihasilkan memiliki panjang cabang yang merepresentasikan jarak evolusi antar taksa, sehingga dapat digunakan untuk menginterpretasikan tingkat kekerabatan. Jarak evolusi dihitung menggunakan pendekatan *Maximum Composite Likelihood* dan dinyatakan sebagai jumlah substitusi basa per situs (Kang *et al.*, 2017). Untuk mengkonfirmasi identitas sampel *Palaquium rostratum*, analisis filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbor-Joining* berdasarkan model substitusi Tamura-Nei menggunakan perangkat lunak MEGA X, dengan ulangan bootstrap sebanyak 1000 kali. Pendekatan ini digunakan untuk mengevaluasi tingkat kekerabatan *Palaquium rostratum* terhadap spesies atau genus terdekat (Gambar 2).



Gambar 2. Pohon evolusi *Palaquium rostratum* berdasarkan gen ITS

Pola pengelompokan yang diperoleh dari sekuens ITS menunjukkan bahwa *Palaquium rostratum* asal pulau Bangka mempunyai kekerabatan genetik paling dekat dengan spesies *Palaquium rostratum* yang berasal dari Pulau Kalimantan dan menurut hasil BLAST dengan persentase identifikasi kemiripan sekuens mencapai 100%. Menurut Saputri & Arsyadi (2025) bahwa spesies yang berasal dari genus yang sama cenderung berada dalam klade yang sama dalam konstruksi pohon filogenetik karena berkerabat dekat dan memiliki nenek moyang yang sama dalam sejarah evolusinya. Untuk memperjelas kekerabatan antar spesies dalam satu famili, digunakan outgroup dari famili berbeda termasuk *Eleusine indica*. Dalam penelitian ini, nilai bootstrap di atas 85% juga menunjukkan bahwa gen ITS merupakan penanda DNA yang reliabel dan efektif digunakan dalam analisis filogenetik pada kelompok tersebut.

Analisis *pairwise* digunakan untuk mengidentifikasi tingkat perbedaan antar urutan nukleotida pada gen ITS. Hasil analisis menunjukkan bahwa jarak genetik antar spesies relatif rendah, dengan nilai berkisar antara 0,002–0,055 (Tabel 3). Nilai *P-distance* tersebut mengindikasikan bahwa semakin besar jarak genetik, maka semakin jauh pula hubungan evolusioner 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.

Tabel 3. Estimasi divergensi evolusioner dalam genus *Palaquium* berdasarkan gen ITS menggunakan model *Maximum Composite Likelihood*

Spesies	1	2	3	4	5	6
KF686283.1 <i>Palaquium rostratum</i>	0,001					
KF686278.1 <i>Palaquium pseudorostratum</i>	0,003	0,004				
HF542855.1 <i>Palaquium microphyllum</i>	0,021	0,022	0,021			
KF686273.1 <i>Palaquium microphyllum</i>	0,021	0,022	0,021	0,000		
AM408110.1 <i>Palaquium formosanum</i>	0,055	0,056	0,055	0,045	0,045	
KF686261.1 <i>Palaquium formosanum</i>	0,055	0,056	0,055	0,045	0,045	0,000

Rata-rata komposisi basa nukleotida pada seluruh sekuens yang dianalisis terdiri atas T (22%), C (28%), A (20%), dan G (28%) (Tabel 4). Pasangan basa A–T diikat oleh dua ikatan hidrogen, yang relatif lebih lemah dibandingkan dengan pasangan G–C yang memiliki tiga ikatan hidrogen. Kandungan GC yang tinggi diketahui meningkatkan stabilitas struktur DNA melalui mekanisme base stacking, sehingga sekuens dengan proporsi GC tinggi cenderung lebih stabil dibandingkan dengan sekuens dengan kandungan GC rendah (Alex *et al.*, 2021).

Tabel 4. Estimasi komposisi nukleotida dalam genus *Palaquium*

Spesies	Timin (%)	Sitosin (%)	Adenin (%)	Guanin (%)
KF686283.1 <i>Palaquium rostratum</i>	24,4	26,2	21,9	27,5
KF686278.1 <i>Palaquium pseudorostratum</i>	23,4	27,1	21,7	27,8
HF542855.1 <i>Palaquium microphyllum</i>	23,1	27,4	21,4	28,1
KF686273.1 <i>Palaquium microphyllum</i>	21,8	26,3	23,3	28,6
AM408110.1 <i>Palaquium formosanum</i>	22,1	26,3	23,2	28,4
KF686261.1 <i>Palaquium formosanum</i>	21,7	26,9	22,9	28,5
Total	22,4	28,6	20,6	28,4

SIMPULAN

Gen ITS *Palaquium rostratum* yang berasal dari Hutan Pelangas, Bangka Barat telah berhasil diamplifikasi dengan Panjang pita DNA 683 bp. Berdasarkan analisis filogenetik, marka ITS mampu mengidentifikasi *Palaquium rostratum* hingga tingkat spesies, sehingga berhasil mengatasi keterbatasan penelitian sebelumnya yang menggunakan marka *rbcl* dan belum memberikan resolusi spesies yang memadai. Meskipun demikian, penelitian ini masih terbatas pada satu populasi sehingga diperlukan penambahan jumlah sampel dari berbagai populasi di Bangka dan Belitung, serta wilayah persebaran lainnya untuk memperoleh gambaran keragaman genetik dan hubungan filogenetik yang lebih komprehensif. Penggunaan pendekatan multilokus melalui kombinasi marka ITS, matK, dan *rbcl* direkomendasikan untuk meningkatkan resolusi filogenetik, memperkuat akurasi identifikasi spesies, serta mendukung upaya konservasi dan pengelolaan sumber daya genetik *Palaquium rostratum* secara berkelanjutan.

UCAPAN TERIMA KASIH (Optional)

Ucapan terimakasih kepada Universitas Bangka Belitung yang telah mendanai penelitian ini melalui Hibah Penelitian LPPM No. 1350/UN50/M/PP/2025 skema Peneliti Muda Tahun 2025.

DAFTAR PUSTAKA

- Alex, V. Denisse, T. Christine, R.B. (2021). Hotspots of Human mutation. *Trends in Genetics*. 37: 717-729.
- Arsyadi, A & Saputri, R. (2024). The first initiative of DNA barcoding of *Palaquium rostratum* (Miq.) Burck from Bangka, Indonesia. *IOP Conf Ser Earth Environ Sci*. 2024;1419:012011.
- Fu N, Xu Y, Jin L, Wang Y, Zhang H. (2024). Testing plastomes and nuclear ribosomal DNA sequences as the next generation DNA barcodes for species identification and phylogenetic analysis in *Acer*. *BMC Plant Biol*. 24:445. doi:10.1186/s12870-024-05073-w
- 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.
- Miftakhi DR, Deska, Krismondita, Putri S, Hazari SA. (2021). Pengembangan kawasan hutan Nyatoh sebagai objek wisata dalam upaya melestarikan pohon Nyatoh Desa Air Bulin. *J Pemberdayaan Pariwisata*. 3(1):28–33.
- Muchtar A, Muib R, Herawati. (2024). Effect of compost dosing on the growth of Nyatoh (*Palaquium* sp.) seedlings in the nursery. *Wasian J*. 11(1):1–8.
- Mutiara, D., Lingga, R. dan Saputri, R. (2025). Inventarisasi spesies tumbuhan asing invasif di Geosite Pelangas Hill Kabupaten Bangka Barat, *Ekotonia: Jurnal Penelitian Biologi, Botani, Zoologi dan Mikrobiologi*, 10(2), pp. 88–100.
- Phang, A., Pezzini, F. F., et al. (2023). Target capture sequencing for phylogenomic and population studies in the Southeast Asian genus *Palaquium* (Sapotaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 203, 134–147.
- 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., (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.
- 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.
- Xie J, Liu C, Chen H, Zhang Y. (2023). DNA barcoding as a plant identification method: insights into nuclear and chloroplast markers. *Appl Sci*. 14(4):1415. doi:10.3390/app14041415