

# Keanekaragaman dan Kekerabatan Genetik Artocarpus Berdasarkan Penanda DNA Kloroplas matK & rbcL: Kajian In Silico

*by* Dindin Hidayatul Mursyidin

---

**Submission date:** 31-May-2023 03:25AM (UTC-0500)

**Submission ID:** 2105868018

**File name:** 16-Keragaman\_Genetik\_Artocarpus.pdf (1.04M)

**Word count:** 5299

**Character count:** 29901



**FLORIBUNDA**  
Jurnal Sistematis Tambahan

DOI : 10.32556/floribunda.v6i5.2020.322

P-ISSN : 0215 - 4706

E-ISSN : 2460 - 6944

## KEANEKARAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK ARTOCARPUS BERDASARKAN PENANDA DNA KLOROPLAS *matK* & *rbcL*: KAJIAN *IN SILICO*

Dindin H. Mursyidin<sup>1\*</sup> & M. Irfan Makruf<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorium Genetika dan Biologi Molekuler, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,  
Universitas Lambung Mangkurat, Banjarbaru 70714

\*Korespondensi: dindinhm@gmail.com

Dindin H. Mursyidin & M. Irfan Makruf. 2020. Genetic Diversity and Relationships of *Artocarpus* Based on DNA Chloroplast (*matK* & *rbcL*) Markers: In Silico Study. *Floribunda* 6(5): 195–206. — *Artocarpus* is the genus of the *Moraceae* family which has a high species diversity. However, due to excessive habitat degradation and conversion, its existence is threatened. This study aims to analyze the diversity and genetic relationships of *Artocarpus* using DNA chloroplast markers (*matK* and *rbcL*), based on *in silico* analysis. A total of 2 sets of *matK* and *rbcL* sequences from 48 *Artocarpus* species have been analyzed using some software, namely BLAST, Clustal Omega and MEGA-X, and reconstructed phylogenetically using the *Maximum Likelihood* method. The results showed that *Artocarpus* has a relatively high diversity at the nucleotide level, mainly for the *rbcL* (0.56). The results of the genetic relationship show that *Artocarpus* is generally separated into two main groups or clades, following both sequences, as well as its combination. This information might be useful in supporting the conservation and breeding programs of *Artocarpus*, especially in Indonesia.

Keywords: *Artocarpus*, chloroplast DNA, conservation, genetic diversity, phylogenetic.

Dindin H. Mursyidin & M. Irfan Makruf. 2020. Keanekaragaman dan Kekerabatan Genetik *Artocarpus* Berdasarkan Penanda DNA Kloroplas *matK* & *rbcL*: Kajian *in Silico*. *Floribunda* 6(5): 195–206. — *Artocarpus* merupakan genus dari famili *Moraceae* yang memiliki keanekaragaman spesies tinggi. Namun akibat degradasi dan konversi habitat secara berlebihan, keberadaannya mulai terancam. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keanekaragaman dan kekerabatan genetik *Artocarpus* secara *in silico* menggunakan penanda DNA kloroplas (*matK* dan *rbcL*). Sebanyak 2 set sekuen *matK* dan *rbcL* dari 48 spesies *Artocarpus* telah dianalisis menggunakan beberapa *software*, yaitu BLAST, Clustal Omega dan MEGA-X, serta direkonstruksi secara filogenetik menggunakan metode *Maximum Likelihood*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *Artocarpus* menunjukkan keanekaragaman genetik relatif tinggi pada tingkat nukleotida, terutama berdasarkan sekuen *rbcL* (0.56). Sementara itu, hasil analisis kekerabatan genetik menggunakan metode *Maximum Likelihood*, diperoleh gambaran bahwa *Artocarpus* secara umum terpisah menjadi dua (2) grup atau *clade* utama, baik berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya. Informasi ini diharapkan dapat dimanfaatkan untuk mendukung program pemuliaan dan pelestarian *Artocarpus*, terutama di Indonesia.

Kata kunci: *Artocarpus*, DNA kloroplas, filogenetik, keanekaragaman genetik, konservasi.

*Artocarpus* merupakan genus utama dari famili *Moraceae* yang memiliki keanekaragaman spesies tinggi, diperkirakan terdiri atas 70 spesies di seluruh dunia (Williams *et al.* 2017). Genus ini terdistribusi secara luas terutama di wilayah Asia bagian selatan dan tenggara, meliputi: Sri Lanka, India, Pakistan, Cina, Malaysia, dan Indonesia, serta Kepulauan Solomon (Lemmens *et al.* 1995). Di Indonesia, *Artocarpus* tercatat sebanyak 30 spesies

dan dijumpai di beberapa wilayah, diantaranya: Kalimantan (23 spesies), Sumatera (17 spesies), Maluku (8 spesies), Sulawesi (6 spesies), Jawa (4 spesies), dan Kepulauan Sunda (3 spesies) (Verheij & Coronel 1997). Spesies-spesies tersebut di antaranya adalah *A. anisophyllus* ('mentawak'), *A. dadah* ('dadah' atau 'tampang'), *A. elasticus* ('bendo' atau 'teureup'), *A. fretessii* ('kelembi'), *A. fulvicortex* ('tampang gajah'), *A. glaucus* ('sem-

bir'), *A. gomezianus* ('sampang'), *A. integer* ('cempedak'), *A. heterophyllus* ('angka'), *A. lanceifolius* ('keledang'), dan *A. altilis* ('sukun'), serta *A. kemando* ('pudu') (Lemmens *et al.* 1995). Menurut Palupi *et al.* (2019), angka (*A. heterophyllus*) adalah salah satu spesies *Artocarpus* yang paling banyak dikembangkan dan dibudidayakan di Indonesia.

Menurut Zerega *et al.* (2010), sebagian besar spesies *Artocarpus* memiliki nilai penting, baik secara ekonomis dan ekologis. Sebagai contoh, *A. lanceifolius*, *A. heterophyllus*, *A. integer*, *A. altilis*, dan *A. kemando* adalah lima spesies *Artocarpus* yang buahnya dapat dimakan (*edible fruits*) atau dijadikan bahan makanan (Ragone 1997; Sofiyanti *et al.* 2014). Batang pohon *A. lanceifolius*, *A. integer* dan *A. heterophyllus* juga dapat dimanfaatkan sebagai bahan bangunan, karena awet dan kuat (Lempang & Suhartati 2013; Sari *et al.* 2018; Zuharman & Aryanti 2016). Daun *A. altilis* diketahui berkhasiat sebagai obat tradisional, terutama untuk mengobati penyakit *cirrhosis*, diabetes, hipertensi, kanker, dan liver (Arung *et al.* 2009). Selain berkhasiat sebagai obat, daun *A. altilis* juga dapat dimanfaatkan sebagai insektisida alamiah, terutama untuk mengendalikan serangan hama kutu putih pada tanaman pangan (Sofiyanti *et al.* 2014). Menurut Sekar & Sukumar (2015), sebagian besar spesies *Artocarpus* lainnya menjadi sumber pakan utama bagi hewan-hewan hutan, seperti gajah dan orang utan.

Akibat deforestasi hutan atau konversi lahan secara berlebihan, terutama untuk pembangunan pertanian, perkebunan dan pemukiman, keberadaan sebagian *Artocarpus* mulai terancam (Wilcove *et al.* 2013). IUCN (2020) melaporkan bahwa tujuh spesies *Artocarpus*, yaitu: *A. rubrovenius* ('kalulot'), *A. anisophyllus* ('mentawak'), *A. tamaran* ('tamaran' atau 'tarap tempunan'), *A. treculianus* ('tugup'), *A. hypargyreus* ('kwai muk'), *A. nobilis* ('sukun Ceylon'), dan *A. blancoi* ('antipolo') telah digolongkan kedalam status rentan (*vulnerable*). Sementara itu, satu spesies lainnya yaitu *A. annulatus* ('bukoh') telah dimasukkan kedalam kategori kritis atau *endangered* (IUCN 2020). Oleh karena itu, upaya konservasi atau pelestarian untuk menyelamatkan beragam spesies *Artocarpus*, termasuk upaya budidaya dan pemuliaannya sangat penting dilakukan. Menurut Karp *et al.* (1997), kegiatan konservasi bertujuan menjamin kelangsungan keberadaan spesies, habitat dan komunitas biologis, interaksi antar spesies, serta antara spesies dengan ekosistemnya. Sementara itu, upaya pemuliaan/budidaya bertujuan melestarikan gen-gen tertentu

yang memiliki sifat unggul untuk kebutuhan masa mendatang (Karp *et al.* 1997).

Penelitian ini bertujuan menganalisis keanekaragaman dan kekerabatan genetik 48 spesies *Artocarpus* secara *in silico*, yaitu pemanfaatan data sekuen gen yang terdapat di GenBank atau *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Menurut Sayers *et al.* (2019), GenBank memiliki basis data komprehensif tentang sekuen nukleotida atau deskripsi gen yang dapat diakses secara bebas. Oleh karena itu, kajian semacam ini tidak memerlukan biaya tinggi, serta lebih komprehensif dan aplikatif sehingga diharapkan dapat mendukung kegiatan konservasi dan pemuliaan atau budidaya plasma nutfah (Parikesit *et al.* 2017).

Penelitian ini menggunakan dua penanda molekuler, yaitu *matK* dan *rbcL* yang merupakan bagian DNA kloroplas atau DNA *barcoding* untuk menganalisis keanekaragaman dan kekerabatan genetik genus *Artocarpus*. Menurut *Consortium for the Barcode of Life's* atau CBOL (2009), gen *rbcL* memiliki tingkat mutasi lebih rendah dibandingkan penanda DNA kloroplas lainnya, sehingga dapat digunakan sebagai penanda yang baik dalam kajian genetika populasi dan sistematika tumbuhan. Sementara itu, *matK* merupakan salah satu region pengkodean (*coding region*) kloroplas yang berkembang paling pesat dan secara konsisten menunjukkan tingkat diskriminasi yang tinggi, terutama pada Angiospermae. Oleh karena itu, CBOL (2009) merekomendasikan penggunaan kedua penanda ini (dan kombinasi keduanya) untuk menentukan status genetik suatu spesies secara lebih komprehensif, cepat dan akurat.

## BAHAN DAN METODE

Penelitian dilakukan dengan metode *in silico*, yaitu dengan memanfaatkan data sekuen gen *matK* dan *rbcL* dari 48 spesies *Artocarpus* yang terdapat di GenBank atau NCBI (Tabel 1). Secara umum, penelitian ini meliputi tiga kegiatan utama, yaitu: (1) Pencarian sekuen nukleotida dan analisis homologi (kemiripan); (2) Penyejajaran sekuen nukleotida (*multiple sequence alignment*); (3) Analisis keanekaragaman dan kekerabatan genetik 48 spesies *Artocarpus* yang didapatkan.

### 1 Pencarian Sekuen Nukleotida dan Analisis Homologi

Sekuen nukleotida gen *matK* dan *rbcL* spesies *A. integer* dijadikan acuan atau referensi dalam penelitian ini (Tabel 1). Kedua sekuen nukleotida

tersebut ditelusuri pada laman GenBank atau NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dengan nomor aksesinya masing-masing adalah KU856365.1 (*matK*) dan KJ594616.1 (*rbcL*). Setelah itu, analisis homologi (kemiripan) terhadap spesies *Artocarpus* yang lain dilakukan menggunakan software *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) yang ter-

dapat juga pada laman GenBank. Seluruh sekuen nukleotida, baik *matK* dan *rbcL* dari 48 spesies *Artocarpus* yang diperoleh kemudian disalin ke dalam format teks (*notepad*). Sebelum dianalisis lebih lanjut, sekuen-sekuen tersebut disamakan terlebih dahulu panjang nukleotidanya.

Tabel 1. Spesies *Artocarpus* yang digunakan dalam penelitian, nomor aksesinya dan panjang nukleotida

No	Spesies	Nomor Aksesinya (GenBank Accession Number)		Panjang Nukleotida (bp)		
		<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	<i>MatK</i>	<i>rbcL</i>	Gabungan
1	<i>A. aff. lakoocha</i>	KU856333.1	KU856212.1	798	574	1372
2	<i>A. anisophyllus</i>	KU856320.1	KU856199.1	798	562	1360
3	<i>A. altitilis</i>	HM446658.1	KJ767824	695	553	1248
4	<i>A. amulatus</i>	KU856327.1	KU856206.1	798	575	1373
5	<i>A. blancoi</i>	KU856328.1	KU856207.1	798	575	1373
6	<i>A. brevipedunculatus</i>	KU856329.1	KU856209.1	798	575	1373
7	<i>A. camansi</i>	KU856336.1	KU856215.1	798	575	1373
8	<i>A. chama</i>	MH357975.1	KU856216.1	788	574	1362
9	<i>A. dadah</i>	KU856341.1	KU856280.1	798	564	1362
10	<i>A. elasticus</i>	KJ708837.1	KU856224.1	761	574	1335
11	<i>A. excelsus</i>	KU856346.1	KU856226.1	798	554	1352
12	<i>A. fretessii</i>	KU856348.1	KU856229.1	798	567	1365
13	<i>A. fulvicortex</i>	KU856352.1	KU856231.1	786	569	1355
14	<i>A. glaucus</i>	KU856353.1	KU856232.1	798	562	1360
15	<i>A. gomezianus</i>	KU856356.1	KU856234.1	777	571	1348
16	<i>A. heterophyllus</i>	MH748883.1	LC461815.1	766	552	1318
17	<i>A. hirsutus</i>	KU856362.1	KU856241.1	798	574	1372
18	<i>A. hispidus</i>	KU856363.1	KU856242.1	798	574	1372
19	<i>A. integer</i> *	KU856365.1	KJ594616.1	798	553	1351
20	<i>A. kemando</i>	KU856368.1	KU856248.1	798	571	1369
21	<i>A. lakoocha</i>	MH332511.1	KR528786.1	777	632	1409
22	<i>A. lanceifolius</i>	KU856375.1	KU856254.1	798	575	1373
23	<i>A. lowii</i>	KU856379.1	KJ594620.1	798	553	1351
24	<i>A. maingayi</i>	KU856382.1	KU856261.1	762	568	1330
25	<i>A. mariannensis</i>	KU856383.1	KU856262.1	798	572	1370
26	<i>A. nanchuanensis</i>	MH357976.1	MH358037.1	788	647	1435
27	<i>A. nitidus</i>	KR530420.1	KR528791.1	753	632	1385
28	<i>A. obtusus</i>	KU856397.1	KU856276.1	798	571	1369
29	<i>A. odoratissimus</i>	KU856398.1	KU856278.1	768	567	1335
30	<i>A. ovatus</i>	KU856400.1	KU856279.1	798	574	1372
31	<i>A. papuanus</i>	KU856433.1	KU856312.1	789	574	1363
32	<i>A. petelotii</i>	KR530421.1	KR528794.1	753	632	1385
33	<i>A. pithecolobus</i>	KR530422.1	KR528795.1	753	618	1371
34	<i>A. primackii</i>	KU856405.1	KU856284.1	798	565	1363
35	<i>A. rigidus</i>	KU856410.1	KU856288.1	795	572	1367
36	<i>A. rubrovenius</i>	KU856412.1	KU856291.1	798	575	1373
37	<i>A. scortechinii</i>	KU856414.1	KU856293.1	798	574	1372

Tabel 1. Spesies *Artocarpus* yang digunakan dalam penelitian, nomor aksesori dan panjang nukleotida lanjutan

No	Spesies	Nomor Aksesori (GenBank Accession Number)		Panjang Nukleotida (bp)		
		<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	<i>MatK</i>	<i>rbcL</i>	Gabungan
38.	<i>A. sepiianus</i>	KU856415.1	KU856294.1	798	572	1370
39.	<i>A. sericicarpus</i>	KU856416.1	KU856295.1	798	567	1365
40.	<i>A. styracifolius</i>	KJ510918.1	KP094328.1	825	562	1387
41.	<i>A. tamaran</i>	KU856418.1	KU856297.1	798	544	1342
42.	<i>A. teysmannii</i>	KU856421.1	KU856300.1	798	574	1372
43.	<i>A. thailandicus</i>	KU856422.1	KU856303.1	798	572	1370
44.	<i>A. tomentosulus</i>	KU856425.1	KU856304.1	798	574	1372
45.	<i>A. tonkinensis</i>	KU856428.1	KU856307.1	798	575	1373
46.	<i>A. treculianus</i>	KU856429.1	KU856308.1	798	575	1373
47.	<i>A. vriesianus</i>	KU856430.1	KU856309.1	798	554	1352
48.	<i>A. xanthocarpus</i>	KU856431.1	KU856310.1	798	482	1280

Ket.: \*spesies acuan/referensi

### Penyejajaran Sekuen Nukleotida (Multiple Sequence Alignment)

Penyejajaran sekuen nukleotida gen *matK* dan *rbcL* genus *Artocarpus* dilakukan secara *on-line* menggunakan *software* Clustal Omega. *Software* tersebut tersedia pada laman *The European Bioinformatics Institute* atau EMBL-EBI ([www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalo/](http://www.ebi.ac.uk/tools/msa/clustalo/)).

### Analisis Keanekaragaman dan Kekerabatan Genetik

Analisis keanekaragaman dan kekerabatan genetik *Artocarpus* dilakukan menggunakan *software* MEGA-X atau *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (Kumar *et al.* 2018). Analisis tersebut dimulai dengan memasukkan dan mengubah data setiap sekuen dan gabungan keduanya (*matK* dan *rbcL*), dari format *notepad* kedalam format *Mega* (.meg). Setelah seluruh data sekuen terbaca dalam program tersebut, keanekaragaman genetik kemudian dianalisis menggunakan metode indeks keanekaragaman nukleotida ( $\pi$ ) (Nei & Li 1979). Sementara itu, rekonstruksi filogenetik terhadap sekuen-sekuen tersebut dilakukan menggunakan metode *maximum likelihood* (Lemey *et al.* 2009) dan *software* MEGA-X (Kumar *et al.* 2018). Analisis

statistik terhadap cabang internal pohon filogenetik yang terbentuk menggunakan metode *bootstrap* 1000 kali (Kumar *et al.* 2018).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Keanekaragaman Genetik *Artocarpus*

*Artocarpus* menunjukkan keanekaragaman genetik relatif tinggi pada tingkat nukleotida, terutama berdasarkan sekuen *rbcL* (Tabel 2). Keanekaragaman genetik *Artocarpus* berdasarkan kedua sekuen (*matK* dan *rbcL*), tercatat sebesar masing-masing 0,36 dan 0,56. Sementara itu, berdasarkan gabungan kedua sekuen, keanekaragaman genetik tercatat sebesar 0,45. Selain keanekaragaman genetik, hasil analisis juga menunjukkan bahwa *Artocarpus* memiliki karakter sekuen *matK* dan *rbcL* yang berbeda. Sebagai contoh, kandungan GC pada sekuen *rbcL* lebih tinggi (42,87%) daripada *matK* (32,75%). Namun demikian, nilai bias mutasi substitusi (transisi/transversi) pada sekuen *matK* lebih tinggi dibandingkan *rbcL*, masing-masing sebesar 0,77 dan 0,45. Demikian pula, rasio substitusinya (transisi/transversi), *matK* lebih tinggi daripada *rbcL* (1,51 dan 1,27).

Tabel 2. Keanekaragaman genetik *Artocarpus* berdasarkan sekuen *matK* dan *rbcL*, serta gabungan keduanya, term-

Parameter	Sekuen		
	<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	Gabungan
Rentang panjang sekuen (bp)	695-825	482-632	1248-1435
Jumlah total basa yang dianalisis ( <i>n</i> )	695	482	1248
Jumlah sekuen yang bersegregasi ( <i>S</i> )	687	475	1162

Tabel 2. Keanekaragaman genetik *Artocarpus* berdasarkan sekuen *matK* dan *rbcL*, serta gabungan keduanya, termasuk informasi hasil analisis *Maximum Likelihood*<sup>1</sup> lanjutan

Parameter	Sekuen		
	<i>matK</i>	<i>rbcL</i>	Gabungan
Kriteria informasi Bayesian (BIC)	22679,74	18965,91	57161,47
Kriteria informasi Akaike (AICc)	21889,27	18210,07	56321,25
Nilai <i>Maximum Likelihood</i> (lnL)	-10850,37	-9010,65	-28066,47
<b>Keanekaragaman nukleotida (<math>\pi</math>)</b>	<b>0,36</b>	<b>0,56</b>	<b>0,45</b>
Nilai bias transisi/transversi ( <i>R</i> )	0,77	0,45	0,54
Rasio transisi/transversi	1,51	1,27	0,57
Kandungan GC (%)	32,75	42,87	36,88

<sup>1</sup> menggunakan model Kimura 2-parameter.

Keanekaragaman genetik memperlihatkan adanya hubungan linear dengan kandungan GC, makin tinggi kandungan GC sekuen gen, makin tinggi keanekaragaman genetik sekuen tersebut. Sebagai contoh, *matK* yang memiliki GC sebesar 32,75% menunjukkan keanekaragaman nukleotida sebesar 0,36, sedangkan *rbcL* dengan kandungan GC lebih tinggi (42,87%) menunjukkan keanekaragaman nukleotida lebih tinggi (0,56) (Tabel 2). Di sisi lain, keanekaragaman genetik *Artocarpus* berkorelasi terbalik dengan nilai bias dan rasio mutasi substitusinya (transisi/ transversi), makin tinggi rasio mutasi, makin rendah keanekaragaman genetiknya (Tabel 2).

Menurut Frankham *et al.* (2004), keanekaragaman genetik dan mutasi adalah dua hal yang saling terkait, bahkan faktor utama munculnya keanekaragaman genetik adalah mutasi. Secara singkat, mutasi didefinisikan sebagai perubahan genetik yang terjadi secara spontan pada suatu alel atau kromosom, yang didalamnya keanekaragaman genetik muncul. Lehninger (1982) menjelaskan bahwa mutasi adalah perubahan permanen yang bersifat menurun pada genom (gen-gen atau unit nukleotida) suatu organisme dan mutasi dapat mempengaruhi sebuah nukleotida (*point mutation*) atau beberapa nukleotida yang saling berdekatan (*segmental mutation*). Oleh karena itu, peristiwa-peristiwa mutasi sangat erat kaitannya dengan perubahan evolusi berbasis nukleotida (Kammana 2007).

Mutasi yang terjadi pada sekuen nukleotida dapat diakibatkan oleh pengaruh lingkungan dan aktivitas senyawa mutagenik. Senyawa-senyawa mutagenik mampu mengubah susunan polimer nukleotida pada DNA, dan menyebabkan kesalahan penerjemahan pada rantai nukleotida tersebut. Konsekuensinya, keanekaragaman genetik

muncul pada individu turunannya (Nur & Syahrudin 2016). Dengan demikian, mutasi merupakan langkah awal dalam pembentukan populasi dasar dan peningkatan keanekaragaman genetik populasi berikutnya. Dengan kata lain, keanekaragaman genetik berfungsi untuk menyediakan populasi dasar untuk seleksi alam dan bagian integral dalam evolusi.

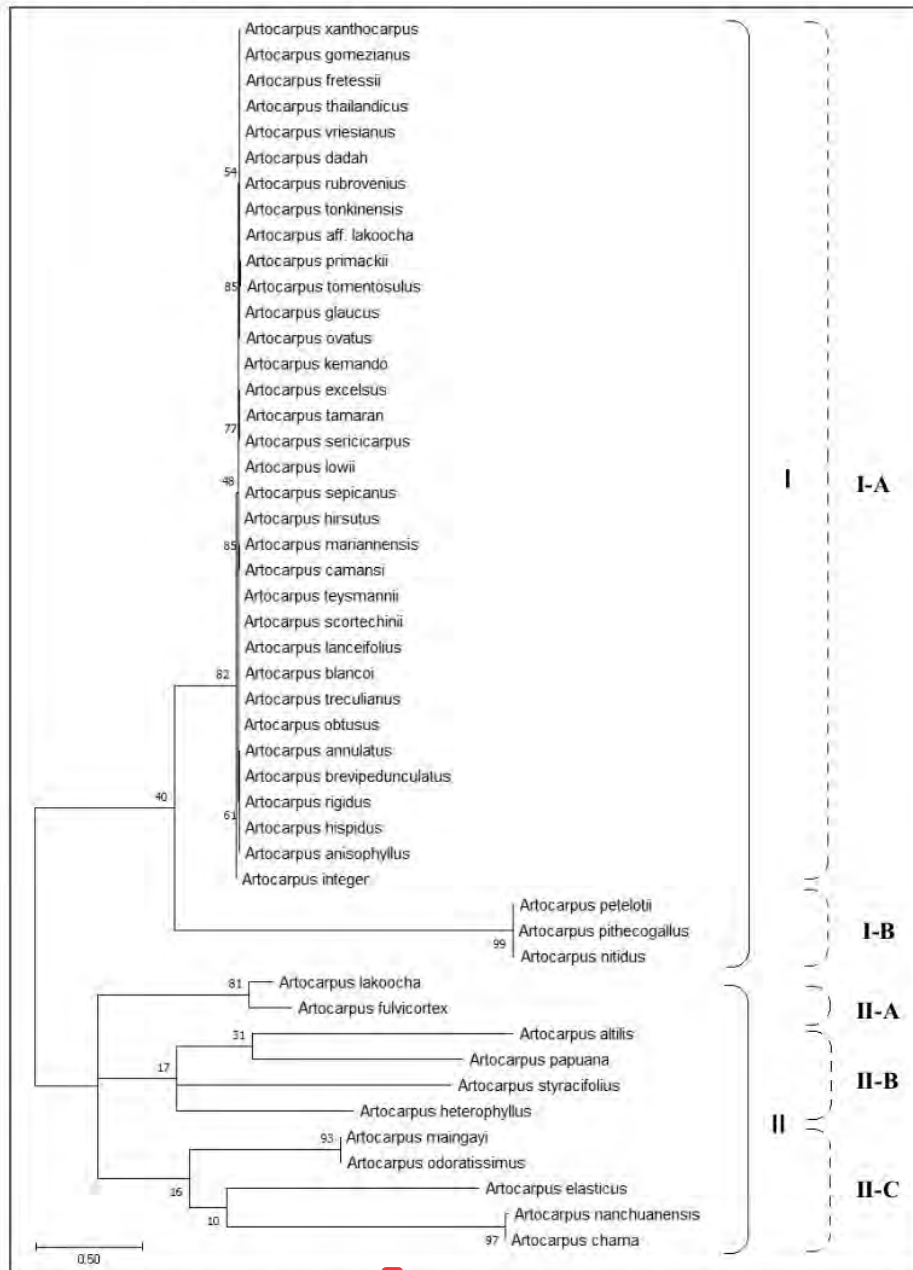
Pada *Artocarpus*, mutasi yang terjadi mungkin disebabkan oleh pengaruh lingkungan, terutama spesiasi simpatrik dan allopatrik (Williams *et al.* 2017). Menurut Williams *et al.* (2017), Pulau Kalimantan diperkirakan merupakan pusat keanekaragaman genetik terbesar genus *Artocarpus*. Selama Miosen, ketika permukaan laut berfluktuasi dan hubungan darat sering terjadi antara Kalimantan, Asia daratan, Sumatera dan Jawa, beragam spesies *Artocarpus* ditemukan di daerah ini dengan rentang genetik yang sempit (bahkan tumpang tindih). Namun di luar Kalimantan, terutama di bagian timur, di mana banyak pulau tidak memiliki hubungan historis dengan paparan Sunda dan Sahul, ditemukan beragam *Artocarpus* dengan keragaman genetik lebih luas (Williams *et al.*, 2017).

#### Kekerabatan Genetik *Artocarpus*

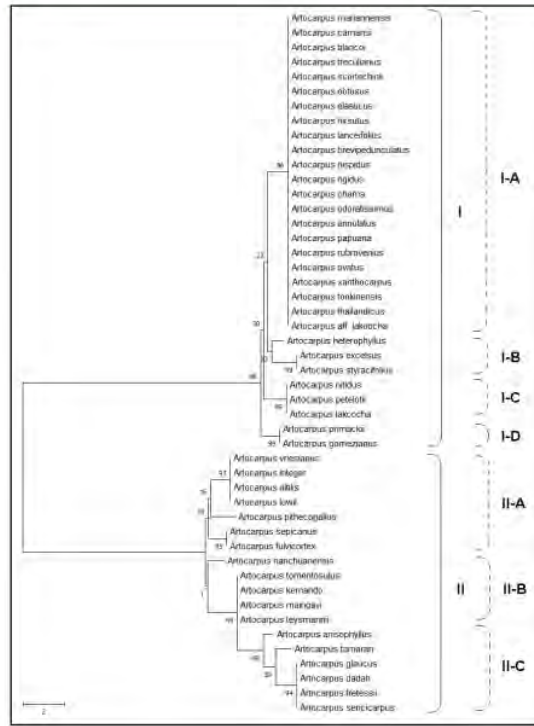
Hasil analisis kekerabatan genetik menggunakan metode *maximum likelihood* diperoleh gambaran bahwa *Artocarpus* secara umum terpisah menjadi dua (2) grup atau klad (*clade*) utama, baik berdasarkan sekuen *matK* (Gambar 1), *rbcL* (Gambar 2) dan gabungan keduanya (Gambar 3). Namun demikian, jumlah anggota grup dan sub-grup pada masing-masing sekuen berbeda, termasuk anggota spesiesnya. Sebagai contoh, berdasarkan sekuen *matK* (Gambar 1), *Artocarpus* terpisah menjadi dua grup utama, yang didalamnya grup I terdiri atas 37 spesies sedangkan grup II sebanyak

11 spesies. Sementara itu, pengelompokan *Artocarpus* berdasarkan sekuen *rbcL* (Gambar 2) juga memunculkan dua grup utama, dimana grup I terdiri atas 30 spesies, adapun grup II sebanyak 18 spesies. Perbedaan yang relatif mencolok di antara

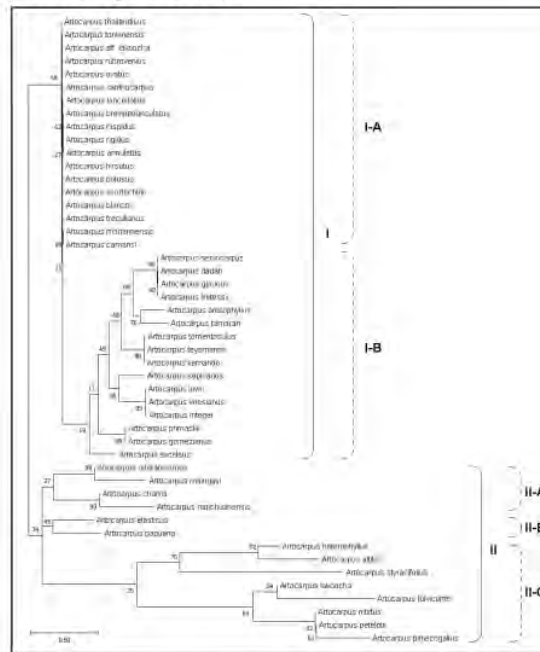
kedua sekuen adalah jumlah subgrup yang terdapat pada grup I. Pada penelitian ini, *matK* memunculkan dua subgrup, sedangkan *rbcL* menghasilkan empat subgrup.



Gambar 1. Filogram kekerabatan *Artocarpus* berdasarkan sekuen *matK* (nilai pada cabang internal menunjukkan hasil analisis bootstrap 1000 kali).



Gambar 2. Filogram kekerabatan *Artocarpus* berdasarkan sekuen *rbcL* (nilai pada cabang internal menunjukkan hasil analisis bootstrap 1000 kali).



Gambar 3. Filogram kekerabatan *Artocarpus* berdasarkan gabungan sekuen *matK* dan *rbcL* (nilai pada cabang internal menunjukkan hasil analisis bootstrap 1000 kali).



Pada penelitian ini, berdasarkan gabungan sekuen *matK* dan *rbcL* (Gambar 3), *A. heterophyllus* yang merupakan spesies *Artocarpus* paling populer dikembangkan di berbagai negara, berkerabat dekat dengan *A. altilis*. Hasil ini berbeda dengan Zerega & Gardner (2019) yang menggunakan 333 gen-gen nukleus dan melaporkan kedekatan antara *A. heterophyllus* dengan *A. nitidus* dan *A. camansi*. Sementara itu, berdasarkan gen kloroplas secara lengkap, Li & Song (2019) mengungkapkan kedekatan genetik antara *A. heterophyllus* dengan *A. nanchuanensis*. Secara morfologis, *A. heterophyllus* berkerabat dekat dengan *A. integer*, karena memiliki bunga bersifat *cauliflorous*, serta pada bagian daunnya tidak memiliki sel-sel resin (Zerega *et al.* 2010). Di lain pihak, *A. altilis* memiliki kesamaan secara morfologis dengan *A. camansi* dan *A. mariannensis*, karena daun dewasanya secara umum memiliki lobus dengan sayatan memanjang kurang dari setengah menuju pelepah (Zerega *et al.* 2010). Kedekatan *A. camansi* dengan *A. mariannensis* dipertegas oleh Zerega *et al.* (2015), menggunakan penanda mikrosatelit.

Menurut Zerega *et al.* (2006), *A. altilis* merupakan suatu kultigen yang diduga berasal dari spesies liar *A. camansi* (Zerega *et al.* 2006). *Artocarpus camansi* merupakan spesies asli Papua New Guinea, termasuk Papua dan Maluku (Ragone 1997). Proses domestikasi awal *A. camansi* menjadi *A. altilis* kemungkinan besar terjadi di Papua

New Guinea atau pulau-pulau sekitarnya, sebelum akhirnya berkembang ke wilayah timur (Zerega *et al.* 2006). Khan *et al.* (2010), melaporkan bahwa reduksi ukuran daun yang ditunjukkan oleh *A. altilis* relatif terhadap *A. camansi* pada proses domestikasinya, ternyata berbeda dengan yang diamati pada *A. heterophyllus*, di mana varietas yang dibudidayakan memiliki daun yang lebih besar daripada pohon liamnya.

Hasil analisis lebih lanjut terhadap pohon filogenetik yang terbentuk (Tabel 3) diketahui bahwa mayoritas spesies *Artocarpus* mengelompok pada *clade* yang sama, baik berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya. Sebagai contoh, 18 spesies *Artocarpus* (yaitu: *A. aff. lakoocha*, *A. annulatus*, *A. blancoi*, *A. brevipedunculatus*, *A. camansi*, *A. hirsutus*, *A. hispidus*, *A. lanceifolius*, *A. mariannensis*, *A. obtusus*, *A. rigidus*, *A. rubrovenius*, *A. scortechinii*, *A. thailandicus*, *A. tonkinensis*, *A. treculianus*, dan *A. xanthocarpus*) mengelompok pada grup I, subgrup IA, berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya. Secara total, terdapat sebanyak 40 spesies yang konsisten menempati posisi grup yang sama untuk kedua sekuen dan gabungannya. Adapun sisanya, sebanyak 8 spesies (meliputi *A. excelsus*, *A. anisophyllus*, *A. pithecolobium*, *A. lakoocha*, *A. fulvicortex*, *A. altilis*, *A. papuanus*, dan *A. elasticus*) tidak konsisten atau selalu berpindah grup (Tabel 3).

Tabel 3. Pengelompokan *Artocarpus* berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya\*

No.	Spesies	<i>matK</i>		<i>rbcL</i>		Gabungan	
		Grup	Subgrup	Grup	Subgrup	Grup	Subgrup
1.	<i>A. aff. Lakoocha</i>	I	A	I	A	I	A
3.	<i>A. annulatus</i>	I	A	I	A	I	A
3.	<i>A. blancoi</i>	I	A	I	A	I	A
4.	<i>A. brevipedunculatus</i>	I	A	I	A	I	A
5.	<i>A. camansi</i>	I	A	I	A	I	A
6.	<i>A. hirsutus</i>	I	A	I	A	I	A
7.	<i>A. hispidus</i>	I	A	I	A	I	A
8.	<i>A. lanceifolius</i>	I	A	I	A	I	A
9.	<i>A. mariannensis</i>	I	A	I	A	I	A
10.	<i>A. obtusus</i>	I	A	I	A	I	A
11.	<i>A. ovatus</i>	I	A	I	A	I	A
12.	<i>A. rigidus</i>	I	A	I	A	I	A
13.	<i>A. rubrovenius</i>	I	A	I	A	I	A
14.	<i>A. scortechinii</i>	I	A	I	A	I	A
15.	<i>A. thailandicus</i>	I	A	I	A	I	A
16.	<i>A. tonkinensis</i>	I	A	I	A	I	A
17.	<i>A. treculianus</i>	I	A	I	A	I	A
18.	<i>A. xanthocarpus</i>	I	A	I	A	I	A
19.	<i>A. dadah</i>	I	A	II	C	I	B
20.	<i>A. iretessii</i>	I	A	II	C	I	B

Tabel 3. Pengelompokan *Artocarpus* berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya\* lanjutan

No.	Spesies	<i>matK</i>		<i>rbcL</i>		Gabungan	
		Grup	Subgrup	Grup	Subgrup	Grup	Subgrup
21.	<i>A. glaucus</i>	I	A	II	C	I	B
22.	<i>A. sericicarpus</i>	I	A	II	C	I	B
23.	<i>A. tamaran</i>	I	A	II	C	I	B
24.	<i>A. integer</i>	I	A	II	A	I	B
25.	<i>A. lowii</i>	I	A	II	A	I	B
26.	<i>A. sepicanus</i>	I	A	II	A	I	B
27.	<i>A. vriesianus</i>	I	A	II	A	I	B
28.	<i>A. teysmannii</i>	I	A	II	B	I	B
29.	<i>A. tomentosulus</i>	I	A	II	B	I	B
30.	<i>A. kemanda</i>	I	A	II	B	I	B
31.	<i>A. primackii</i>	I	A	I	D	I	B
32.	<i>A. gomezianus</i>	I	A	I	D	I	B
33.	<i>A. nitidus</i>	I	B	I	C	II	C
34.	<i>A. petelotii</i>	I	B	I	C	II	C
35.	<i>A. heterophyllus</i>	II	B	I	B	II	C
36.	<i>A. styracifolius</i>	II	B	I	B	II	C
37.	<i>A. chama</i>	II	C	I	A	II	A
38.	<i>A. odoratissimus</i>	II	C	I	A	II	A
39.	<i>A. maingayi</i>	II	C	II	B	II	A
40.	<i>A. nanchuanensis</i>	II	C	II	B	II	A
41.	<i>A. excelsum</i>	I	A	I	B	I	B
42.	<i>A. anisophyllus</i>	I	A	II	C	I	B
43.	<i>A. pithecolobium</i>	I	B	II	A	II	C
44.	<i>A. lakoocha</i>	II	A	I	C	II	C
45.	<i>A. fulvicortex</i>	II	A	II	A	II	C
46.	<i>A. altitilis</i>	II	B	I	A	II	C
47.	<i>A. papuanus</i>	II	B	I	A	II	B
48.	<i>A. elasticus</i>	II	C	I	A	II	B

Ket.1-40 = spesies konsisten pada grup yang sama; sisanya (41-48) = tidak konsisten.

Hasil penelusuran literatur, sepuluh spesies *Artocarpus* merupakan sinonim. Sebagai contoh, pada penelitian ini *A. dadah* merupakan sinonim dari *A. fretessii*, *A. lakoocha* dan *A. ovatus*. Demikian pula, *A. xanthocarpus* sinonim dengan *A. nitidus*; *A. kemanda* dengan *A. maingayi*; serta *A. rigidus* dengan *A. gomezianus*. Sementara itu, hasil verifikasi molekuler menggunakan penanda *matK*, diketahui bahwa penanda tersebut mampu membedakan antara *A. xanthocarpus* dengan *A. nitidus*; serta *A. kemanda* dengan *A. maingayi*. Namun penanda tersebut tidak dapat membedakan antara *A. dadah* dengan kedua sinonimnya, yaitu *A. fretessii* dan *A. ovatus*; serta *A. rigidus* dengan *A. gomezianus* (Gambar 1, Tabel 3). Adapun penanda *rbcL* mampu membedakan spesies *A. ovatus* dengan *A. lakoocha*; *A. xanthocarpus* dengan *A. nitidus*; *A. rigidus* dengan *A. gomezianus*, sedangkan spesies lainnya tidak dapat dibedakan (Gambar

2, Tabel 3). Oleh karena itu, berdasarkan hal ini, diketahui bahwa gabungan kedua penanda *matK* dan *rbcL* (Gambar 3) dapat digunakan untuk membedakan spesies *Artocarpus*.

Hasil analisis statistik bootstrap terhadap cabang internal filogram yang terbentuk, juga mendukung argumen bahwa gabungan sekuen *matK* dan *rbcL* yang memiliki resolusi lebih tinggi dibandingkan kedua sekuen secara terpisah dapat digunakan untuk membedakan genus *Artocarpus*. Hal ini selaras dengan pendapat Anderberg *et al.* (2002), bahwa penggunaan data sekuen gabungan mungkin dapat meningkatkan resolusi kekerabatan pohon filogenetik suatu plasma nutfah. Oleh karena itu, penggunaan beberapa penanda untuk merekonstruksi kekerabatan genetik *Artocarpus* sangat menarik dan penting dilakukan.

Secara konsep, pohon filogenetik memberikan informasi penting tentang klasifikasi plasma nutfah

berdasarkan hubungan evolusionernya. Dalam rekonstruksi filogenetik, data molekuler (DNA) lebih banyak digunakan karena lebih stabil dalam proses evolusi dibandingkan dengan data morfologi atau karakter lainnya (Dharmayanti 2011). Hal ini karena rekonstruksi filogenetik menggunakan data DNA lebih mudah dalam mengekstrak, menggabungkan dan menganalisis informasi mengenai proses evolusi yang terjadi pada suatu kelompok organisme. Disamping itu, rekonstruksi filogenetik menggunakan data ini memudahkan dalam pembuatan model peristiwa evolusi secara komparatif dengan informasi lebih beragam (Hillis *et al.* 1996).

Secara singkat, penggunaan sekuen DNA dalam rekonstruksi filogenetik menyediakan banyak *character states* akibat perbedaan laju perubahan basa-basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda (Hillis *et al.* 1996). Menurut Baldwin *et al.* (1995), penggunaan sekuen DNA dalam rekonstruksi filogenetik juga menawarkan data yang akurat melalui pengujian homologi yang lebih baik terhadap karakter-karakter yang muncul, dan sekuen ini terbukti menghasilkan sebuah hubungan kekerabatan yang lebih alamiah (Chase *et al.* 1993). Oleh karena itu, hasil analisis kekerabatan secara molekuler memberikan informasi penting bagi para pemulia untuk memilih tetua persilangan, terutama untuk perakitan varietas unggul. Dengan kata lain, informasi mengenai kompleksitas kekerabatan genetik suatu plasma nutfah, termasuk *Artocarpus* sangat penting untuk mendukung kajian genetika populasi, taksonomi, evolusi, konservasi, serta pemuliaan tanaman pada masa mendatang (Witherup *et al.* 2019).

## KESIMPULAN

Hasil penelitian menunjukkan bahwa *Artocarpus* memiliki keanekaragaman genetik relatif tinggi pada tingkat nukleotida, terutama berdasarkan sekuen *rbcL* (0.56). Sementara itu, hasil analisis kekerabatan genetik menggunakan metode *maximum likelihood*, diperoleh gambaran bahwa *Artocarpus* secara umum terpisah menjadi dua (2) grup atau *clade* utama, baik berdasarkan sekuen *matK*, *rbcL* dan gabungan keduanya. Hasil penelitian ini diharapkan dapat dimanfaatkan untuk mendukung program pemuliaan dan pelestarian *Artocarpus* yang ada di Indonesia.

## UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada te-

man-teman kelompok studi “Genetika dan Biologi Molekuler”, Program Studi Biologi, Fakultas MIPA, Universitas Lambung Mangkurat, atas sumbangsih saran dan literatur untuk mendukung tulisan ini.

## DAFTAR PUSTAKA

- Anderberg AA, Catarina R & Mari K. 2002. Phylogenetic Relationships in The Order Ericales SL.: Analyses of Molecular Data from Five Genes from The Plastid and Mitochondrial Genomes. *American Journal of Botany* 89: 677–687.
- Arung ET, Britanto DW, Yohana AH, Irawan WK, Dina Y & Ferry S. 2009. Anti-Cancer Properties of Diethylether Extract of Wood from Sukun (*Artocarpus altilis*) in Human Breast Cancer (T47D) Cells. *Tropical Journal of Pharmaceutical Research* 8(4): 317–24.
- Baldwin BG, Sanderson MJ, Porter JM, Wojciechowski MF, Campbell CS & Donoghue MJ. 1995. The ITS Region of Nuclear Ribosomal DNA: A Valuable Source of Evidence on Angiosperm Phylogeny. *Annual Missouri Botanic Garden* 82: 247–277.
- Chase MW, Soltis DE & Olmstead RG. 1993. Phylogenetics of Seed Plants: An Analysis of Nucleotide Sequences from the Plastid Gene *rbcL*. *Annual Missouri Botanic Garden* 80: 528–580.
- Consortium Barcode of Life's (CBOL). 2009. A DNA Barcode for Land Plants. *PNAS*, 106 (31).
- Dharmayanti NLP. 2011. Filogenetika Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *WARTAZOA* 21(1):1–10.
- Frankham R, Jonathan DB & David AB. 2004. *A Primer of Conservation Genetics*. New York: Cambridge University Press.
- Hillis DM, Moritz C & Mable BK. 1996. *Molecular Systematic*. 2nd Ed. Sinauer Associates, Massachusetts.
- IUCN. 2020. The IUCN Red List of Threatened Species. Retrieved (<https://www.iucnredlist.org/search?query=artocarpus&searchType=species>).
- Karmana IW. 2009. Kajian Evolusi Berbasis Urutan Nukleotida. *GaneC Swara* 3(3): 75–81.
- Karp A, Kresovich S, Bhat KV, Ayad WG & Hodgkin T. 1997. Molecular Tools in Plant Genetic Resources Conservation: a Guide to the Technologies. In *IPGRI Technical Bulletin* (Vol. 2).

- Khan R, Zerega NJC, Hossain S & Zuberi MI. 2010. Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) Diversity in Bangladesh: Land Use and Artificial Selection. *Economic Botany* 64: 124–136.
- 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 (6): 1547–1549.
- Lehninger. 1982. *Dasar-dasar Biokimia Jilid 3* (Terjemahan Maggy Tenawijaya). Penerbit Erlangga Jakarta.
- Lemey P, Salemi M & Vandamme AM. 2009. *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing* (Second Edition). New York: Cambridge University Press. 709 pp.
- Lemmens RHMJ, Ishemat S & Wong WC. 1995. *Plant Resources of South-East Asia*. Bogor: Prosea.
- Lempang M & Suhartati. 2013. Potensi Pengembangan Cempedak (*Artocarpus integer* Merr.) pada Hutan Tanaman Rakyat Ditinjau dari Sifat Kayu dan Kegunaannya. *Info Teknis EBONI* 10(2): 69–83.
- Li Yuran & Song Yu. 2019. The Chloroplast Genome of an Endangered Tree *Artocarpus Nanchuanensis* (Moraceae). Mitochondrial DNA Part B: *Resources* 4(1): 893–894.
- Nei M & Li WH. 1979. Mathematical Model for Studying Genetic Variation in Terms of Restriction Endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 76(10): 5269–5273.
- Nur A & Syahrudin K. 2016. *Aplikasi Teknologi Mutasi dalam Pembentukan Varietas Gandum Tropis*. Puslitbang Tanaman Pangan, Bogor.
- Palupi D, Rahayu SSB & Daryono BS. 2019. Genetic Diversity in Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) Based on Molecular Characters in Indonesia. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* 51: 57–67.
- Parikesit AA, Dito A & Riza AP. 2017. Pemanfaatan Bioinformatika dalam Bidang Pertanian dan Kesehatan. *E-Journal Menara Perkebunan* 85(2): 105–115.
- Ragone D. 1997. *Breadfruit: Artocarpus altilis (Parkinson) Fosberg*. Rome: International Plant Genetic Resources Institute.
- Sari, Yulian F & Ade YF. 2018. Pemanfaatan Kelidang (*Artocarpus lanceifolius* Roxb.) oleh Masyarakat di Pulau Nangka Besar, Kabupaten Bangka Tengah. *EKOTONIA: Jurnal Penelitian Biologi, Botani, Zoologi dan Mikrobiologi* 2(1): 33–41.
- Sayers EW, Mark C, Karen C, James O, Kim DP & Ilene KM. 2019. GenBank. *Nucleic Acids Research* 47 (Database): D94–D99.
- Sekar N & Sukumar R. 2015. The Asian Elephant is Amongst the Top Three Frugivores of Two Tree Species with Easily Edible Fruit. *Journal of Tropical Ecology* 31: 385–394.
- Sofiyanti N, Dyah I, Fitmawati & Sartina. 2014. Karakterisasi Genus *Artocarpus* (Moraceae) Di Taman Hutan Raya Sultan Syarif Hasyim Riau Berdasarkan Karakter Morfologi dan Kandungan Flavonoidnya. *Seminar Hasil Penelitian FMIPA Universitas Riau*: 1–14.
- Verheij EWM & Coronel RE. 1997. *Sumber Daya Nabati Asia Tenggara 2. Buah-Buahan yang Dapat Dimakan*. Jakarta: Gramedia Pustaka Utama.
- Wilcove DS, Xingli G, David PE, Brendan F & Lian PK. 2013. Navjot's Nightmare Revisited: Logging, Agriculture, and Biodiversity in Southeast Asia. *Trends in Ecology and Evolution* 28(9): 531–40.
- Williams EW, Elliot MG, Robert H, Arunrat C, Joan TP & Nyree JCZ. 2017. Out of Borneo: Biogeography, Phylogeny and Divergence Date Estimates of *Artocarpus* (Moraceae). *Annals of Botany* 119: 611–27.
- Witherup C, Muhammad IZ, Salma H & Nyree JCZ. 2019. Genetic Diversity of Bangladeshi Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus*) over Time and Across Seedling Sources. *Economic Botany* 73(2): 233–248.
- Zerega NJC, Ragone D & Motley TJ. 2006. Breadfruit Origins, Diversity, and Human-facilitated Distribution. In: Motley TJ, Zerega NJC, Cross H (eds) *Darwin's harvest: new approaches to the origins, evolution, and conservation of crops*. Columbia University Press, New York, pp 213–238.
- Zerega NJC, Supardi MNN & Motley TJ. 2010. Phylogeny and Recircumscription of *Artocarpeae* (Moraceae) with a Focus on *Artocarpus*. *Systematic Botany* 35(4): 766–782.
- Zerega NJC, Tyr WH, Diane R, Brian I, Brian S, Sheron S & Francis Z. 2015. Diversity in the Breadfruit Complex (*Artocarpus*, Moraceae): Genetic Characterization of Critical Germplasm. *Tree Genetics and Genomes* 11(4): 1–26.
- Zerega NJC & Gardner EM. 2019. Delimitation of the New Tribe Parartocarpeae (Moraceae) is

Supported by a 333-Gene Phylogeny and Resolves Tribal Level Moraceae Taxonomy. *Phytotaxa* 388(4): 253–265.

Zulharman & Aryanti NA. 2016. Etnobotani Tumbuhan Penghasil Bahan Bangunan, Kerajinan dan Rumah Adat Masyarakat Suku Sambori Kabupaten Bima NTB. Seminar Nasional dan Gelar Produk: 256–265.

---

# Keanekaragaman dan Kekerbatan Genetik Artocarpus Berdasarkan Penanda DNA Kloroplas matK & rbcL: Kajian In Silico

## ORIGINALITY REPORT

13%

SIMILARITY INDEX

11%

INTERNET SOURCES

6%

PUBLICATIONS

5%

STUDENT PAPERS

## PRIMARY SOURCES

1	<a href="http://journal.uin-alauddin.ac.id">journal.uin-alauddin.ac.id</a> Internet Source	5%
2	<a href="http://cts.perseids.org">cts.perseids.org</a> Internet Source	2%
3	<a href="http://hdl.handle.net">hdl.handle.net</a> Internet Source	1%
4	<a href="http://www.sougbely.edu.sk">www.sougbely.edu.sk</a> Internet Source	1%
5	Submitted to Universitas Brawijaya Student Paper	1%
6	<a href="http://k24.horuk.com">k24.horuk.com</a> Internet Source	1%
7	Dindin Hidayatul Mursyidin, Fajar Nurrahman Maulana. "KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK GARCINIA BERDASARKAN KANDUNGAN SENYAWA BIOAKTIF DAN AKTIVITAS BIOLOGISNYA: KAJIAN IN SILICO", BERITA BIOLOGI, 2020	1%

8

[www.iaa.inland.com](http://www.iaa.inland.com)

Internet Source

1 %

---

9

Dwi Wahyuni, Fifi Gus Dwiyanti, Rahadian Pratama, Muhammad Majiidu, Henti Hendalastuti Rachmat, Iskandar Zulkarnaen Siregar. "Chloroplast Genome Draft of *Dryobalanops aromatica* Generated Using Oxford Nanopore Technology and Its Potential Application for Phylogenetic Study", *Forests*, 2021

Publication

---

1 %

---

Exclude quotes      On

Exclude matches      < 1%

Exclude bibliography      On