

**Barkoding DNA pada Tumbuhan Durik-Durik (*Syzygium* sp.) Asal Riau
Menggunakan Daerah Gen *ndhF*****(DNA Barcoding on Durik-durik (*Syzygium* sp.) Origin Riau Using *ndhF* Gene Region)**Dewi Indriyani Roslim^{*}, Ana FitrianiJurusan Biologi FMIPA Universitas Riau, Jl. HR Soebrantas Km 12,5 Kampus Bina Widya, Panam,
Pekanbaru 28293, Riau^{*}Email: iinroslim@gmail.com

(Article History: Received 11 November 2020; Revised 9 January 2021; Accepted 18 January 2021)

ABSTRAK

Gen *ndhF* telah digunakan sebagai salah satu barkode DNA pada genus *Syzygium* karena divergensi urutan asam aminonya lebih besar empat kali dibandingkan *rbcL*. Penelitian ini bertujuan menganalisis sekuen DNA dari gen *ndhF* pada durik-durik (*Syzygium* sp.) asal Riau. Metode penelitian meliputi isolasi DNA total menggunakan kit isolasi DNA (*Genomic DNA Mini Kit Plant, Geneaid*), PCR, elektroforesis menggunakan 1% gel agarosa, sekuensing dan analisis data menggunakan program BioEdit versi 7, BLASTn dan MEGA 6.0. Sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik telah diperoleh dengan ukuran 1370 pb dan memiliki kemiripan paling tinggi dengan yang dimiliki oleh *S. malaccense* (99,71%) dan paling rendah dengan *S. acuminatissimum* (98,69%). Terdapat 26 variasi nukleotida di antara aksesori yang diteliti dan dua diantaranya merupakan nukleotida kritis. Durik-durik membentuk satu kelompok dengan *S. malaccense* dan *S. aromaticum*. Namun demikian, nama spesies durik-durik belum dapat ditentukan karena tidak ada aksesori yang memiliki kemiripan 100% dengan durik-durik.

Kata kunci: Barkode DNA, Danau Kajuik, durik-durik, gen *ndhF*, *Syzygium*.

ABSTRACT

The *ndhF* gene has been used as DNA barcode in *Syzygium* because the divergence of the amino acids sequence is four times greater than *rbcL*. This study was to analyze the DNA sequence of *ndhF* gene on durik-durik (*Syzygium* sp.) origin Riau. Methods included total DNA isolation using *Genomic DNA Mini Kit Plant (Geneaid)*, PCR, electrophoresis using 1% agarose gel, sequencing and data analysis using *BioEdit*, *BLASTn* dan *MEGA 6.0* programs. The DNA sequence of durik-durik *ndhF* gene was 1370 bp in size and had the higher similarity to the one of *S. malaccense* (99.71%) and the lower similarity to the one of *S. acuminatissimum* (98.69%). There were 26 nucleotide variations and two of them were critical nucleotides. Durik-durik formed one group with *S. malaccense* dan *S. aromaticum*. Nevertheless, the species name of durik-durik still unknown because there is no accessions having 100% similarity to durik-durik.

Keywords: DNA barcode, durik-durik, Kajuik Lake, *ndhF* gene, *Syzygium*.

PENDAHULUAN

Ekosistem sungai rawa banjiran (*floodplain river*) merupakan salah satu habitat bagi organisme perairan. Anak sungai dan danau banjiran (*oxbow lake*) mempunyai fungsi sebagai tempat berlindung, pemijahan serta mencari makan. Durik-durik (*Syzygium* sp.) merupakan salah satu vegetasi riparian yang tumbuh di sekitar danau banjiran di Sungai Kampar, Riau (Elvyra dan Yus 2010). Secara umum tumbuhan ini berada di belakang hutan

payau dengan jenis tanah aluvial. Daun-daun yang gugur ke dalam danau dimanfaatkan sebagai tempat berlindung dan sumber makanan bagi ikan sungai dan danau. Buah dimanfaatkan oleh burung sebagai makanan dan juga manusia sebagai bahan tambahan masakan serta kayunya dimanfaatkan oleh masyarakat sekitar sebagai kayu bakar (Elvyra dan Yus 2010).

Penelitian sebelumnya dengan teknik identifikasi secara konvensional menggunakan karakter morfologi daun,

tanpa ketersediaan organ bunga dan buah, telah mengelompokkan durik-durik ke dalam genus *Eugenia* (Elvyra dan Yus 2010). Seiring dengan kemajuan teknik identifikasi organisme yaitu dengan ditemukannya teknik identifikasi secara molekuler menggunakan potongan DNA berukuran pendek atau disebut dengan barkoding DNA (Hebert *et al.* 2003), maka identifikasi durik-durik dilanjutkan dengan teknik barkoding DNA. Sekuen barkode DNA yang sudah digunakan meliputi *psbA-trnH intergenic spacer* dan *ITS* (Roslim *et al.* 2016) serta *matK*, *rbcl*, dan *trnL-F intergenic spacer* (Roslim *et al.* 2017).

Durik-durik awalnya digolongkan ke dalam genus *Eugenia*, famili Myrtaceae. Pengelompokan itu didasarkan identifikasi secara morfologi tanpa dilengkapi organ bunga (Elvyra dan Yus 2010). Sekuen barkode DNA yang sudah digunakan meliputi *psbA-trnH intergenic spacer* dan *ITS* (Roslim *et al.* 2016) serta *matK*, *rbcl*, dan *trnL-F intergenic spacer* (Roslim 2019) dan menunjukkan bahwa durik-durik termasuk ke dalam genus *Syzygium*. Hal ini terjadi karena adanya revisi besar-besaran pada genus *Eugenia* menjadi *Syzygium* (Widodo 2011).

Syzygium termasuk ke dalam kelompok Myrtaceae (jambu-jambuan) dengan lebih dari 1.200 genus. Jumlah spesies yang banyak tersebut menjadikan spesies ini sebagai tumbuhan utama dari hutan hujan tropis di Malesia. Terdapat 300 jenis *Syzygium* di Indonesia dengan 60 jenisnya berada di Pulau Jawa. *Syzygium* banyak dimanfaatkan sebagai obat, makanan, bahan bangunan dan tanaman hias yang memiliki nilai ekonomi (Asif *et al.* 2013). Menurut Craven dan Biffin (2010) *Syzygium* merupakan salah satu kelompok Myrtaceae yang sulit diklasifikasikan karena sedikitnya karakter morfologi yang konsisten pada satu spesies dan terjadinya tumpang tindih spesies *Syzygium* dengan *Eugenia*. Bukti molekuler menunjukkan bahwa kedua genus tersebut memiliki silsilah yang berbeda (Biffin 2005, Widodo 2010).

Jumlah dan variasi yang relatif kecil dari sekuen mitokondria menjadikan alasan penggunaan DNA kloroplas pada tumbuhan dalam teknik barkoding DNA (Ingkiriwang *et al.* 2017). Keunggulan barkoding DNA dibandingkan identifikasi secara morfologi adalah dapat mengidentifikasi dan mengkarakterisasi berbagai spesies yang tidak dapat dibedakan secara morfologi dan spesimen sudah rusak atau organnya tidak lengkap (Hajibabaei *et al.* 2007).

Barkode DNA lain yang sudah digunakan pada analisis filogenetik pada Myrtaceae adalah gen *ndhF*. Gen ini mengkode enzim NADH dehydrogenase subunit 5 (ND5). Divergensi urutan asam amino gen *ndhF* lebih besar empat kali daripada *rbcl* pada padi dan tembakau. Semakin panjang ukuran divergensinya maka dapat lebih banyak memberikan informasi karakter dalam rekonstruksi filogeni (Kim dan Robert 1995).

Penelitian ini bertujuan mengisolasi dan menganalisis sekuen DNA pada daerah gen *ndhF* pada durik-durik (*Syzygium* sp.) asal Riau. Sekuen DNA yang diperoleh pada penelitian ini merupakan yang pertama kali dilaporkan dari tumbuhan durik-durik.

METODE

Penelitian ini telah dilaksanakan bulan Oktober 2019 – Februari 2020. Sampel daun tumbuhan durik-durik diambil dari Danau Kajuik yang berada di Kecamatan Langgam, Kabupaten Pelalawan, Riau. Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Genetika, Jurusan Biologi, FMIPA UNRI.

Bahan Penelitian

Bahan penelitian berupa daun segar tumbuhan durik-durik (*Syzygium* sp.). Proses amplifikasi menggunakan dua pasang primer dengan kombinasi 748F 5'-CAG TTG CTA AAT CGG CAC AAT T-3' dengan 1318R 5'-CGA AAC ATA TAA AAT GCG GTT-3' dan 1252F 5'-GAT GAA ATT MTT AAT GAT AGT TGG T-3' dengan 2063R 5'-CAT TTG GAA TTC CAT CAA TTA-3' (Biffin *et al.* 2006).

Isolasi DNA

Sebanyak 0,1 gram potongan daun durik-durik dimasukkan ke dalam tabung 1,5 ml. Kemudian nitrogen cair ditambahkan secukupnya sambil terus menggerus sampel sampai halus berbentuk serbuk. Selanjutnya dilakukan ekstraksi DNA menggunakan *Genomic DNA mini kit plant (Geneaid)*.

Polymerase Chain Reaction (PCR)

Amplifikasi gen *ndhF* menggunakan *Dream Taq DNA Polymerase (Thermo Scientific)*. Proses PCR dilakukan dalam volume 50 µl dengan komponen sebagai berikut: 1X *buffer* PCR, 0,2 mM dnTPs, 2,4 µM primer *forward*, 2,4 µM primer *reverse*, 2 U *Taq DNA Polymerase*, DNA *Syzygium* sp. dan aquabidestilata (dH₂O). Program PCR yang digunakan terdiri dari tahapan pra-PCR pada 95°C selama 3 menit, denaturasi pada 95°C selama 30 detik, *annealing* selama 35 detik dengan suhu 42,5°C untuk primer 1252F/2063F dan 46,6°C untuk primer 748F/1318R, elongasi pada 72°C selama 1 menit dan pasca-PCR pada 72°C selama 10 menit. Tahap denaturasi, *annealing* dan elongasi dilakukan sebanyak 35 siklus.

Elektroforesis

Menggunakan mesin elektroforesis, DNA total dan produk PCR dimigrasikan di bawah pengaruh medan listrik pada gel agarose 1% untuk memperkirakan kualitas dan kuantitas DNA yang diperoleh. Gel elektroforesis menggunakan 1 µl etidium bromida sebagai pewarna pita dalam 1x *buffer* TBE (*Tris-Borate-EDTA* pH 8,0). Hasil elektroforesis divisualisasi menggunakan UV *transiluminator (VILBER LOURMAT)*, kemudian difoto menggunakan kamera digital berfilter UV (*OLYMPUS SP-500 UZ*).

Sekuensing

Tabung PCR yang berisi DNA hasil amplifikasi dan primernya ditutup rapat kemudian di-*seal* menggunakan parafilm. Tabung tersebut dikirim ke 1st *Base Malaysia* melalui PT. *Genetika Science*

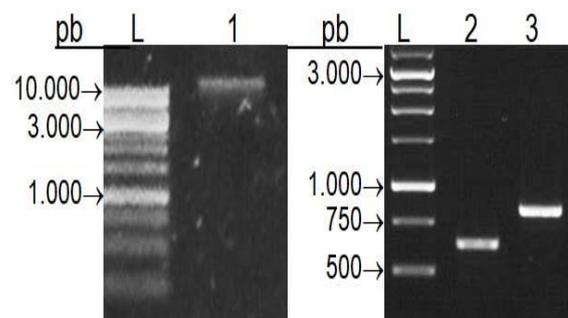
Indonesia, Jakarta Barat untuk disekuensing. Sekuensing dilakukan secara dua arah untuk mengetahui urutan basa nukleotidanya.

Analisis Data

Data hasil sekuensing diperiksa secara visual menggunakan program BioEdit versi 7.0. Sekuen yang diperoleh diolah menggunakan program BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool*) yang diakses secara online pada situs <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) dan MEGA versi 6.0. Sekuen DNA dari gen *ndhF* diunduh dari aksesori yang memiliki nilai query cover 100% pada analisis BLASTn untuk keperluan analisis selanjutnya menggunakan program MEGA. Dendrogram dikonstruksi dengan metode *Neighbor-Joining Tree* dan *bootstrap* 1000 ulangan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Isolasi DNA durik-durik (*Syzygium* sp.) menggunakan kit isolasi DNA *Geneaid* menunjukkan bahwa pita DNA yang dihasilkan utuh, tebal dan tidak *smear* dengan ukuran lebih besar dari 10.000 pb (Gambar 1). Konsentrasi DNA dapat dilihat dari ketebalan pita yang dihasilkan, semakin tebal pitanya maka semakin tinggi konsentrasinya begitu pula sebaliknya. Pita tersebut layak dijadikan tempat pada proses PCR.



Gambar 1. Profil pita DNA total dan produk PCR dari gen *ndhF* durik-durik. L = 1 kb DNA *ladder (Thermo Scientific)*, 1 = DNA total, 2 = amplikon 748F/1318R, 3 = amplikon 1252F/2063R, pb = pasang basa.

Amplifikasi menggunakan pasangan primer 748F/1318R dan 1252F/2063R secara berturut-turut menghasilkan pita DNA berukuran 600 pb dan 800 pb (Gambar 1). Pita DNA yang dihasilkan tebal dan layak untuk disekuensing. Hasil sekuensing menggunakan kedua pasang primer tersebut telah disatukan dan menghasilkan sekuen DNA berukuran 1369 pb. Sekuen tersebut sudah didaftarkan pada database GenBank dengan nomor registrasi MT702732 (Gambar 2).

```
>MT702732 Syzygium sp. DIR042 NADH dehydrogenase
subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
TCGGCACAAATCCCCCTTTCATGTATGGTTACCTGATGCCATGGAAAGGCC
TACTCCTATTCGGGCTCTTATACATGCCGCTACTATGGTAGCAGCGGGCA
TTTTCTTGTAGCTCGACTTCTTCCCTCTTTTGAATCATACCTTACATA
ATGAATTCATATCTTTAATAGGTATAATAACAGTATTATAGGAGCTAC
TTTAGCTCTTGCTCAAAAAGATATAAAAAGAGGTTAGCTTATTCTACAA
TGCTCAATGGGTTATATGATGTTAGCTCTAGGTATGGGGTCTTATCGA
GCCGCTTTATTTCATTGATTAATCATGCTTATTCGAAAGCATTGTTGTT
TTTAGGATCCGGATCTATTATTCATTCAATGGAAGCTATTGTTGGATATT
CTCCAGATAAAAGTCAGAAATATGGTCTTATGGGAGGTTAAAAAAGCAT
GTACCAATTACAAAAATGCTTTTTTAGTAGGTACACTTCTCTTTGTTGG
TATTCCTCCCTTGGCTTGTGTTTTGGTCCAAAGATGAAATCTTAATGCTA
GTTGGTTGATTCACCTATTTTCGCAATAATAGCTTGTCTACAGCAGGA
TTAACCGCATTTTATATGTTTCGGATCTATTTACTTACTTTTGGAGGACA
TTTCAATGTTCAATTTCAAATAATATAGTGGTCAAAAAGTCGTTCTCTAT
ATTCAATATCTCTATGGGGAAGAAGTACCAAAAACGATTAATAACAAT
TTTCTAAGTTTATTAACAATGAATAATAATGAAAGGGTTCTTTTTTTTC
GAATAAGACATATCAAATTTGGTGGTAATGGGAAAAACAGGATCGCCCTT
TTATTACTATTACTTATTTGGCACTAAAAATACTTTCTCTTATCCTCAT
GAATCGGACAATACTATGCTATTTCCATGGTTATATTAGTGTATTTAC
TTGTTTGGTGGAGTCGTAGGAATTCCTTTCTTTTAAATCAAGAAGGAA
TTCATTTGGATATATTCCAAATTTGTTAAATCCATCTATAAACCTTTTA
CATCAGAATTCAAATAATCTGTGGATTGGTATGAATTTGTGACAAATGC
AAGTTTTCTGTCCGATATAGCTTTTTCGGAATATTATAGCATCTTTT
TATAAAGCCATTATTTCATCTTTACAAAATTTGAACTTACTAAATCG
TTTTCTAAAAGAGGTCCTAATAAGAAATTTTGGGACAAAATAATAATGT
GATATATGATGGTATATAATCGTGGTTACATAGATGCTTTTATACAA
TATCCTTAACTCAGGGTATAAGAGGACTAGCTGAACATAATTCATTTTTT
GATAGACGAGTAATTGATG
```

Gambar 2. Sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik (*Syzygium* sp.) asal Riau.

Sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik yang diperoleh pada penelitian ini menyandikan 456 asam amino deduksi dan merupakan sekuen parsial dari gen tersebut. Rodrigues *et al.* (2020) melaporkan bahwa panjang sekuen DNA utuh dari gen *ndhF* pada *Eugenia selloi*, yang juga merupakan anggota dari Myrtaceae, sebesar 2249 pb dan menyandikan 749 asam amino.

Hasil analisis BLASTn menunjukkan bahwa sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik memiliki kemiripan paling tinggi dengan yang dimiliki oleh *S. malaccense*, yaitu sebesar 99,71% dengan nilai query cover 100% dan nilai-E sebesar 0,0.

Kemiripan paling rendah dengan *S. acuminatissimum*, yaitu sebesar 98,69% (Tabel 1). Pada analisis BLASTn, tidak ada aksesori yang memiliki kemiripan sampai 100% dengan durik-durik. Hal ini menunjukkan dua kemungkinan bahwa durik-durik merupakan spesies yang sudah teridentifikasi namun sekuen DNA dari gen *ndhF*-nya belum tersedia di database *GenBank* atau durik-durik merupakan spesies baru yang belum pernah dilaporkan.

Tabel 1. Hasil analisis BLASTn pada sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik (*Syzygium* sp.)

Spesies	Query Cover (%)	Nilai-E	Nilai-Kemiripan (%)	Nomor Aksesori
<i>Syzygium malaccense</i>	100	0,0	99,71	MT830744.1
<i>Syzygium forrestii</i>	100	0,0	99,63	NC_044106.1
<i>Syzygium cumini</i>	100	0,0	99,56	MN095412.1
<i>Syzygium jambos</i>	100	0,0	99,56	MT731620.1
<i>Syzygium aromaticum</i>	100	0,0	99,49	NC_047249.1
<i>Syzygium acuminatissimum</i>	100	0,0	98,69	MT975437.1

Menurut Roslim *et al.* (2016) kemungkinan yang terjadi apabila sekuen DNA yang diteliti tidak menunjukkan kemiripan 100% dengan database adalah tumbuhan yang diuji sudah diketahui spesiesnya tetapi barkode DNA-nya belum tersedia di *GenBank* atau tumbuhan tersebut merupakan spesies baru. Oleh karena itu perlu dilakukan analisis selanjutnya dengan membandingkan morfologi durik-durik dengan semua spesies *Syzygium* untuk menentukan apakah durik-durik spesies baru atau bukan.

Pada penelitian ini, analisis sekuen DNA dari gen *ndhF* menunjukkan adanya 26 variasi nukleotida yang disebabkan mutasi substitusi. Dua diantaranya merupakan nukleotida kritis, yaitu nukleotida yang menjadi pembeda antara durik-durik dengan aksesori lain yang diteliti. Posisi nukleotida kritis berada pada nukleotida nomor 539 (yaitu C pada durik-durik dan T pada aksesori lainnya) dan 582 (yaitu A pada durik-durik dan G pada nukleotida lainnya) (Tabel 2).

Tabel 2. Variasi basa nukleotida dari gen *ndhF* pada beberapa akses *Syzygium* yang diteliti.

Spesies	Nomor basa nukleotida*																									
	1	2	2	3	3	3	3	3	4	4	5	5	5	5	5	6	8	8	9	1	1	1	1	1	1	
	5	4	4	8	2	3	5	6	8	1	7	2	3	3	4	8	7	2	6	0	0	1	3	4	5	5
	7	0	2	0	0	1	0	2	8	6	2	5	3	9	9	2	8	2	3	3	9	0	6	9	4	5
<i>Durik-durik</i>	T	A	G	C	T	T	G	C	G	C	G	C	G	C	C	A	C	G	G	T	C	T	C	G	A	G
<i>Syzygium malaccense</i>	C	T	T	.	G
<i>Syzygium forrestii</i>	.	C	T	.	G	A	.	.	A	.
<i>Syzygium cumini</i>	.	C	A	.	.	T	.	T	.	G	A
<i>Syzygium jambos</i>	.	C	T	.	G	G	A	.	.	A	.
<i>Syzygium aromaticum</i>	.	.	T	.	G	.	T	T	T	.	G	.	.	.	T
<i>Syzygium acuminatissimum</i>	T	.	T	.	C	.	.	.	T	A	.	.	.	T	T	G	.	T	A	G	.	G	A	A	G	.

*nomor nukelotida berdasarkan sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik Nukleotida di dalam kotak = nukleotida kritis

Tabel 3. Jarak genetik antar akses *Syzygium* yang diteliti

Spesies	Jarak genetik*						
<i>Durik-durik</i>		0,001	0,002	0,002	0,002	0,002	0,003
<i>Syzygium malaccense</i>	0,003		0,002	0,002	0,002	0,002	0,003
<i>Syzygium forrestii</i>	0,004	0,004		0,001	0,001	0,002	0,002
<i>Syzygium cumini</i>	0,004	0,004	0,002		0,001	0,002	0,003
<i>Syzygium jambos</i>	0,004	0,004	0,001	0,003		0,002	0,003
<i>Syzygium aromaticum</i>	0,005	0,005	0,006	0,007	0,007		0,003
<i>Syzygium acuminatissimum</i>	0,011	0,011	0,010	0,010	0,010	0,013	

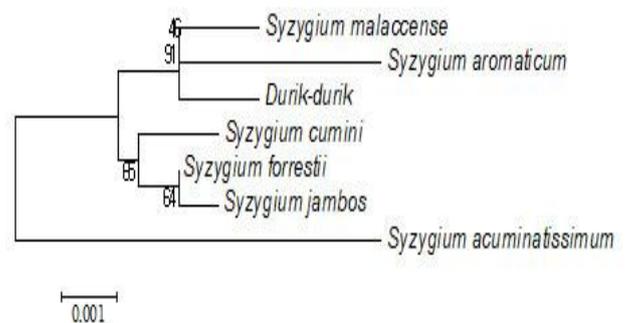
*angka di atas diagonal = standar error, angka di bawah diagonal = nilai jarak genetik

Penelitian sebelumnya pada durik-durik menunjukkan bahwa jumlah nukleotida kritis berdasarkan sekuen DNA dari gen *matK* sebanyak dua buah sedangkan berdasarkan sekuen DNA dari *trnL-trnF intergenic spacer* sebanyak 53 nukleotida (Roslim 2019). Hal ini menunjukkan bahwa jumlah nukleotida kritis pada sekuen DNA penyandi protein, seperti *matK* dan *ndhF*, lebih sedikit dibandingkan dengan sekuen DNA non penyandi protein, seperti *trnL-trnF intergenic spacer*.

Durik-durik memiliki jarak genetik paling dekat dengan *S. malaccense* (yaitu 0,003) dan paling jauh dengan *S. acuminatissimum* (yaitu 0,011) (Tabel 3). Semakin dekat jarak genetik menunjukkan semakin dekat kekerabatannya, begitu pula sebaliknya.

Dendrogram memperkuat hasil analisis bahwa durik-durik membentuk satu kelompok dengan *S. malaccense* (jambu bol,

dersono atau jamaika) dan *S. aromaticum* (cengkih) (Gambar 3). Namun, keduanya memiliki bunga, buah dan daun yang berbeda dari durik-durik.



Gambar 3. Dendrogram antara beberapa akses *Syzygium* berdasarkan sekuen DNA dari gen *ndhF*.

KESIMPULAN

Sekuen DNA dari gen *ndhF* durik-durik telah diperoleh dengan ukuran 1370 pb dan memiliki kemiripan paling tinggi dengan

yang dimiliki oleh *S. malaccense* (99,71%) dan paling rendah dengan *S. acuminatissimum* (98,69%). Terdapat 26 variasi nukleotida di antara aksesori yang diteliti dan dua diantaranya merupakan nukleotida kritis. Durik-durik membentuk satu kelompok dengan *S. malaccense* dan *S. aromaticum*. Namun demikian, nama spesies durik-durik belum dapat ditentukan karena tidak ada aksesori yang memiliki kemiripan 100% dengan durik-durik. Oleh karena itu, identifikasi dengan teknik barkoding DNA sangat bergantung pada ketersediaan sekuen target di database publik seperti *GenBank*.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai DIPA FMIPA Universitas Riau Tahun 2020 dengan nomor kontrak 2407e/UN19.5.1.1.3/PL.01.00/2020.

DAFTAR PUSTAKA

- Asif H, Khan A, Iqbal A, Khan IA, Heinze B (2013) The chloroplast genome sequence of *Syzygium cumini* (L.) and ITS relationship with Other Angiospermae. *Tree Genetics & Genomics* 9(3): 867-877.
- Biffin E (2005) Sorting out the confusion: Phylogenetics of large genera and the lessons from *Syzygium* (Myrtaceae). *Austral. Biol. Resources Study. Biologie* 30. CSIRO Plant Industry, Canberra. Internet publication: <http://www.environment.gov.au/biodiversity/abrs/publications/other/biologie/30/index.html#syzygium>.
- Biffin E, Craven LA, Crisp M, Gadek PA (2006) Molecular systematics of *Syzygium* and allied genera (Myrtaceae): Evidence from the chloroplast genom. *TAXON* 55 (1): 79-94.
- Craven LA, Biffin E (2010) An infrageneric classification of *Syzygium* (Myrtaceae). *Blumea* 55(1): 94-99.
- Elvyra R, Yus Y (2010) Ikan Lais dan Sungai Papanan Banjir di Provinsi Riau. UR press, Pekanbaru.
- Harsono T, Pasaribu N, Sobir, Fitmawati, Prasetya E (2015) Variasi intraspesifik berdasarkan DNA kloroplas (cpDNA) pada *Bouea macrophylla* Griffit. Prosiding Seminar Nasional Biodiversitas dan Ekologi Tropika Indonesia.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *PR Soc. London B.* 270: 313–321.
- Ingkiriwang M, Rudi A, Repi, Fanny NN (2017) Analisis filogeni molekuler tanaman pala (*Myristica* sp.) dari Tahura menggunakan gen *rbcL* DNA kloroplas. *Jurnal Sains, Matematika & Edukasi (JSME)* 5(2):138.
- Kim KJ, Robert KJ (1995) Sequence evolution and the major clades in the sunflower family. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 92 : 10379-10383.
- Rodrigues NF, Balbinott N, Paim I, Guzman, Margis R (2020) Comparative analysis of the complete chloroplast genomes from six Neotropical species of Myrteae (Myrtaceae). *Genetics and Molecular Biology* 43(2): e20190302.
- Roslim DI (2019) Analysis of *matK*, *rbcL* and *trnL-trnF* intergenic spacer sequences on durik-durik (*Syzygium* sp). *J. Phys.: Conf. Ser.* 1351: 012023.
- Roslim DI, Putri N, Herman, Roza E (2016) Identification of Durik-durik Plant (*Syzygium* sp.) Using the *psbA-trnH* Intergenic Spacer and ITS Region. *Transaction of Persatuan Genetik Malaysia* 3 : 11-16.
- Widodo P (2010) Enumeration of Sumatran *Syzygium* (Myrtaceae). Unpublished Dissertation. Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- Widodo P (2011) *Syzygium* of Sumatra. The Free-Petalled Species. Las Vegas: Lambert Academic Publishing.