

## Uji Molekuler Menggunakan Gen *rbcL* Pada Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)

Daffa Rizki Syahreza<sup>1\*</sup>, Efrida Pima Sari Tambunan<sup>2</sup>, Zahratul Idami<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Jln. Lapangan Golf, Desa Durian Jangak, Kec. Pancur Batu, Kab. Deli Serdang, Sumatera Utara 20353, Indonesia

[syahrezalex@gmail.com](mailto:syahrezalex@gmail.com) (1), [efrida\\_pima@uinsu.ac.id](mailto:efrida_pima@uinsu.ac.id) (2), [zahratulidami@uinsu.ac.id](mailto:zahratulidami@uinsu.ac.id) (3)

### ABSTRAK

Uji secara molekuler dilakukan dengan menentukan satu penanda yang tepat untuk menganalisis beberapa kajian dalam bidang molekuler. Uji secara molekuler tumbuhan dilakukan menggunakan penanda gen *rbcL* (*Ribulose-1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene*). Tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) merupakan herba yang pada umumnya hidup secara liar di tempat terbuka seperti padang rumput, kebun, tepi jalan, dan tepi parit. Tempat tumbuh pegagan seperti dataran tinggi, dataran rendah, dan pesisir pantai sangat mempengaruhi perubahan dari segi molekuler. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui bagaimana karakteristik molekuler, keragaman molekuler (keragaman genetik) dan hubungan filogenetik tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dengan menggunakan gen *rbcL*. Penelitian ini memiliki tahapan yaitu koleksi sampel, isolasi DNA, amplifikasi DNA dengan gen *rbcL*, elektroforesis, sekuensing, dan analisis data dengan MEGA 11. Hasil penelitian dari amplifikasi menggunakan gen *rbcL* pada DNA genom *Centella asiatica* (L.) Urban yang diteliti menghasilkan panjang amplicon kurang lebih 600 bp. Pada penyatuan sekuens yang konsesus pada sampel mendapatkan sekuens dengan panjang D<sub>1</sub> 567 bp dan D<sub>2</sub> 562 bp. Pembentukan pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining* dan model perhitungan Kimura-2-Parameter menunjukkan *Centella asiatica* (L.) Urban termasuk dalam kelompok *monofiletik*. Hasil analisis keragaman molekuler *Centella asiatica* (L.) Urban menunjukkan bahwa pada seluruh sampel yang dikoleksi dari Desa Pantai Labu Pekan Kabupaten Deli Serdang dan Jl. Air Bersih Ujung Kota Medan memiliki keragaman molekuler. Maka dari itu, dapat disimpulkan bahwa gen *rbcL* menghasilkan *barcode* DNA dapat digunakan sebagai metode untuk mengidentifikasi *Centella asiatica* (L.) Urban secara molekuler dan sangat efisien dalam menentukan hubungan kekerabatan dengan spesies yang lainnya.

**Kata Kunci** : Uji Molekuler, *Centella asiatica* (L.) Urban, *rbcL*

### ABSTRACT

Molecular testing is carried out by determining one appropriate marker to analyze several studies in the molecular field. Molecular plant testing was carried out using the *rbcL* gene marker (*Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene*). The gotu kola plant (*Centella asiatica* (L.) Urban) is a herb that generally lives wild in open places such as grasslands, gardens, roadsides and ditch edges. The places where gotu kola grows, such as the highlands, lowlands and coastlines, greatly influence changes from a molecular perspective. The aim of this research is to determine the molecular characteristics, molecular diversity (genetic diversity) and phylogenetic relationships of gotu kola plants (*Centella asiatica* (L.) Urban) using the *rbcL* gene. This research has stages, namely sample collection, DNA isolation, DNA amplification with the *rbcL* gene, electrophoresis, sequencing, and data analysis with MEGA 11. The results of the research from amplification using the *rbcL* gene on the *Centella asiatica* (L.) Urban genomic DNA studied produced long amplicons. approximately 600 bp. By combining the consensus sequences in the sample, we get sequences with a length of D<sub>1</sub> 567 bp and D<sub>2</sub> 562 bp. Formation of a phylogenetic tree using the *Neighbor-Joining* method and the Kimura-2-Parameter calculation model shows that *Centella asiatica* (L.) Urban is included in the monophyletic group. The results of the molecular diversity analysis of *Centella asiatica* (L.) Urban showed that in all samples collected from Pantai Labu Pekan Village, Deli Serdang Regency and Jl. Clean Water at the Edge of Medan City has molecular diversity. Therefore, it can be concluded that the *rbcL* gene produces a DNA barcode that can be used as a method to identify *Centella asiatica* (L.) Urban molecularly and is very efficient in determining kinship relationships with other species.

**Keywords** : Molecular Tests, *Centella asiatica* (L.) Urban, *rbcL*

## I. PENDAHULUAN

### 1. Latar Belakang

Pulau Sumatera memiliki beberapa jenis famili tumbuhan, salah satu famili tersebut adalah Apiaceae. Salah satu tumbuhan yang masuk kedalam famili Apiaceae yakni tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban). Tumbuhan ini terdistribusi di wilayah Asia Tenggara dan sebagian kawasan subtropis (Maruzy *et al.*, 2020). Tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dikategorikan sebagai tumbuhan herba yang hidup di padang rumput secara liar, kebun, tepi jalan, dan tepi parit. Tumbuhan pegagan memiliki daun seperti ginjal atau seperti kaki kuda sehingga tumbuhan ini sering juga disebut dengan daun kaki kuda (Silalahi, 2014). Tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) tumbuh di dataran tinggi, dataran rendah, dan pesisir pantai. Perbedaan lokasi sangat mempengaruhi perubahan dari segi karakteristik pada tingkat molekuler, keragaman molekuler (keragaman genetik), dan kekerabatan genetik. Perubahan pada tingkat genetik tersebut dapat diketahui dengan melakukan uji secara molekuler dengan menentukan satu penanda yang tepat sehingga dapat menentukan karakteristik molekuler, keragaman genetik, dan hubungan kekerabatan (*filogenetik*) pada tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) (Ellyza, 2020). Uji secara molekuler dapat dilakukan dengan menggunakan penanda *rbcL*. Penanda Gen *rbcL* (*Ribulosa-1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene*) digunakan sebagai penanda uji secara molekuler yang merupakan salah satu solusi untuk mengetahui karakteristik molekuler, keragaman genetik, dan hubungan kekerabatan (*filogenetik*). Penggunaan penanda Gen *rbcL* memiliki keuntungan yaitu pada tahapan amplifikasi, gen *rbcL* memiliki tingkat keberhasilan yang tinggi mencapai 100% dengan primer *forward* dan *reverse* yang merupakan proses *sequencing* dua arah (Basith, 2015). Teknik pengkajian molekuler menggunakan penanda gen *rbcL* dilakukan dengan pengujian *barcode* DNA. Identitas suatu makhluk hidup dapat diteliti secara molekuler dengan memanfaatkan *Barcode* DNA dengan menggunakan region gen yang terstandarisasi dan spesifik dari sekuens pendek DNA (Rahmayani, 2021). Uji molekuler menggunakan gen *rbcL* dilakukan karena data sekuens *barcode* DNA standar gen *rbcL* masih terdapat banyak jenis tumbuhan yang belum tersedia, hal ini dibuktikan berdasarkan penelusuran dalam BOLD (*Barcode of Life Database*) sistem yang terhubung dengan database sekuens dari beberapa negara (Kolondam *et al.*, 2013). Maka dari itu, berdasarkan informasi yang diperoleh, penulis tertarik untuk melakukan penelitian dengan judul “**Uji Molekuler Menggunakan Gen *rbcL* Pada Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)**” untuk mendapatkan hasil *Barcode* DNA dari tumbuhan *Centella asiatica* (L.) Urban.

### 2. Perumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini adalah :

1. Bagaimana karakteristik molekuler tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dengan menggunakan sekuens gen *rbcL*?
2. Bagaimana keragaman molekuler (keragaman genetik) tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) menggunakan *barcode* DNA berdasarkan gen *rbcL*?
3. Bagaimana hubungan filogenetik tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) yang berasal dari dua populasi menggunakan gen *rbcL*?

### 3. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk :

1. Untuk mengetahui karakteristik molekuler tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dengan menggunakan sekuens gen *rbcL*?
2. Untuk mengetahui keragaman molekuler (keragaman genetik) tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) menggunakan *barcode* DNA berdasarkan gen *rbcL*?

3. Untuk mengetahui hubungan filogenetik tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) yang berasal dari dua populasi menggunakan gen *rbcL*?

#### 4. Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini adalah untuk dijadikan bahan rujukan, sumber informasi tambahan dan data ilmiah yang mendukung bagi dosen, mahasiswa, peneliti maupun masyarakat umum yang terkait data uji molekuler tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban).

## II. METODE

### Tempat dan Waktu

Penelitian dilaksanakan pada bulan Januari 2023 di Laboratorium Genetika Universitas Islam Negeri Sumatera Utara Medan. Sampel di koleksi dari dua lokasi yaitu Desa Pantai Labu Pekan Kecamatan Pantai Labu Kabupaten Deli Serdang dan Jalan Air Bersih Ujung Sudirejo I Kecamatan Medan Kota Medan Sumatera Utara.

### Bahan dan Peralatan

Bahan yang digunakan yaitu sampel jaringan daun muda yang merupakan daun ketiga dari pucuk tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban), DNA Mini Kit Plant (*Favorgen*), PCR mix, primer reverse (5'-ATG TCA CCA CAA ACA GAG ACT AAA GC-3') dan forward (5'-GTA AAA TCA AGT CCA CCR CG-3') gen *rbcL*, ddH<sub>2</sub>O (*deionized water*), loading dye (*Thermo-scientific*), TBE (tris HCl, asam borat, dan EDTA) 10x (1st Base) dan Serbuk Agarose (*Infitrogen*). Alat yang digunakan yaitu tube (*Eppendorf*) 1,5 ml, vortex (*Biosan Multi-Vortex V-32*), digital water bath (*18-ONE*), sentrifuge (*Eppendorf*), collection tube, spin column, mini horizontal electrophoresis HU10 (*BIO-RAD*), PCR (*Polymerase Chain Reaction*) gradient (*Eppendorf*), labu erlenmeyer 100 ml, gelas ukur 100 ml, mikro pipet (*Rainin*), hotplate (*Benchmark*) dan Gel Documentation (*BIOSTEP*).

### Analisis Data

Analisis karakteristik molekuler dilakukan menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) untuk melakukan pensejajaran barisan nukleotida (*skuens alignment*). Pengilustrasian nukleotida hasil sekuensing DNA tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) memanfaatkan bantuan website (<http://biorad-ads.com/DNABarcodeWeb/>). Analisis keragaman molekuler dan pembentukan pohon filogenetik menggunakan program *Molecular Evolutionary Genetic Analysis* (MEGA) 11.

## III. HASIL PENELITIAN

### 1. Karakteristik molekuler pada tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)

Berdasarkan beberapa tahapan karakteristik molekuler yang telah dilakukan didapatkan hasil penelitian yang akan dijelaskan dibawah ini:

#### **Barcode DNA Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)**

*Barcode* DNA sangat bergantung pada informasi yang dikodekan dalam urutan nukleotida dari wilayah standar genom sebagai alat untuk identifikasi spesies serta dalam penentuan hubungan filogenetik pada makhluk hidup (Bafeel *et al.*, 2022). Urutan nukleotida DNA Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) (D<sub>1</sub> dan D<sub>2</sub>) hasil sekuensing dari perusahaan sekuensing 1st Base Malaysia pada **Tabel 1**.

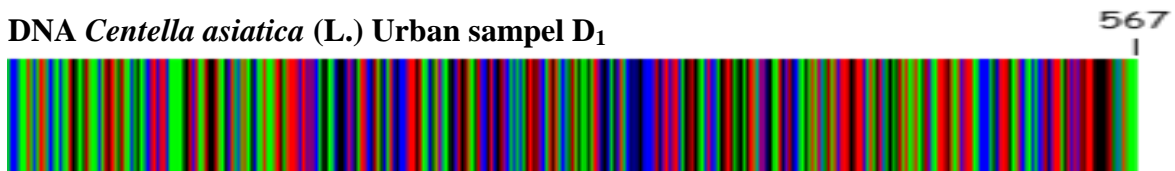
**Tabel 1.** Urutan nukleotida DNA Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica*)

Sanpel	Urutan Sekuens
DNA <i>Centella asiatica</i> (L.) Urban Sampel D <sub>1</sub>	ACGCTCTCGTAGTTTTTAGCGGATAACCCCAATTTAGGTTTAATAGTACATCCCAACAGGGGACGACCATACTTGTTCAATTTATCTCTTTCAACTTGGATACCATGAGGCGGGCCTTGAAAGTTTTACATAAGCAACAGGGATTTCGAGATCTTCCAGACGTAGGGCACGCAGGGCTTTGAACCCAAATACATTACCAACAATGGAAGTAAACATGTTAGTAACAGAACCTTCTTCAAAAAGGTCTAATGGGTAAGCTACATAAGCAATAAATTGATTTTCTTCT

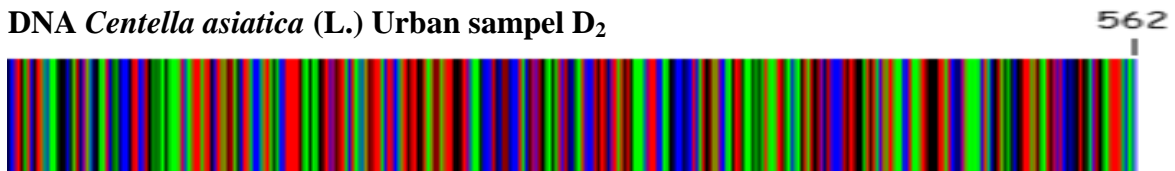
	CCAGGAACGGGCTCGATTCCGTAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGG CTGGTAAGTCCGTCCGTCACACAGTTGTCCATGTACCAGTAGAAGAT TCGGCAGCTACCGCGGCCCTGCTTCTTCAGGTGGAAGTCCAGGTTGA GGAGTTACTCGGAATGCTGCCAAGATATCAGTATCTTTGGTTTCATAG TCAGGAGTATAATAAGTCAATTTGTAATCTTTAACCCAGCTTTGAAT CCAACACCTGCTTTAGTCTCTGTTTGGGGGTGACATAAAA
DNA <i>Centella asiatica</i> (L.) Urban Sampel D <sub>2</sub>	CAAGCTGGGGTTAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCCTGACTATG AAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAAC CTGGAGTTCCACCTGAAGAAGCAGGGGCCGCGGTAGCTGCCGAATCT TCTACTGGTACATGGACAAGTGTGTGGACCGACGGACTTACCAGCCTT GATCGTTACAAAGGGCGATGCTACGGAATCGAGCCGTTTCTGGAGA AGAAAATCAATTTATTGCTTATGTAGCTTACCCATTAGACCTTTTTGAA GAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTTGGTAATGTATTG GGTTCAAAGCCCTGCGTGCCCTACGCTCTGGAAGATCTGCGAATCCCTG TTGCTTATGTGAAAACCTTTCCAAGGCCCGCCTCATGGTATCCAAGTTG AAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCGTCCTGTTGGGATGTACTA TTAAACCTAAATTGGGGTTATCCGCTAAAAACTACGGTAGAGCGGTTT ATGAATGTCTCCGCGGTGGACTGGAATTTTACAAC

Pada sampel tumbuhan pegagan yang menggunakan penanda sampel D<sub>1</sub> dan D<sub>2</sub> memperlihatkan urutan nukleotida yang memiliki tingkatan similaritas 100% yang dapat digunakan untuk membuat *barcode* DNA.

**DNA *Centella asiatica* (L.) Urban sampel D<sub>1</sub>**



**DNA *Centella asiatica* (L.) Urban sampel D<sub>2</sub>**



**Gambar 1.** Ilustrasi Nukleotida DNA Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dengan warna yang berbeda (A;hijau, T;merah, C;biru dan G;hitam)

Hasil *barcode* DNA pada tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) ditentukan dari urutan nukleotida pada hasil sekuensing (Tabel 1). Penelitian ini menghasilkan panjang urutan nukleotida pada fragmen DNA amplikon yang terlihat berdasarkan *barcode* DNA *Centella asiatica* (L.) Urban yaitu penanda D<sub>1</sub> 567 bp dan penanda D<sub>2</sub> 562 bp. Pada umumnya gen *rbcL* mempunyai ukuran dengan panjang fragmen sekitar 500-1400 bp, sehingga pada gen ini terdapat berbagai karakter dalam pengkajian filogenetik (Z. Sagala & Sogandi, 2022).

**2. Keragaman Molekuler Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)**

Berdasarkan penelusuran yang dilihat di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) didapatkan hasil *sekuens* konsensus pada beberapa spesies dari genus *Centella*.

**Analisis Variasi dan Persentase GC Content dan AT Content**

Berdasarkan sampel tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) yang menggunakan penanda sampel D<sub>1</sub> dan D<sub>2</sub> selanjutnya dilakukan analisis untuk melihat komposisi

nukleotida dari seluruh sampel. Maka didapatkan bahwa hasil analisis persentase komposisi nukleotida dapat dilihat pada **Tabel 2**.

**Tabel 2.** Analisis Variasi dan Persentase GC Content dan AT Content

No.	Spesies	Asal	Komposisi Nukleotida (%)					
			A	T	G	C	A+T	G+C
1.	<i>Centella asiatica</i> (D <sub>1</sub> )	Indonesia	27,33	27,77	22,22	22,66	55,11	44,88
2.	<i>Centella asiatica</i> (D <sub>2</sub> )	Indonesia	27,55	28,66	21,55	22,22	56,22	43,77
3.	<i>Centella asiatica</i>	Thailand	27,55	28,66	21,55	22,22	56,22	43,77
4.	<i>Centella asiatica</i>	India	27,33	29,33	22,22	21,11	56,66	43,33
5.	<i>Centella asiatica</i>	China	27,55	28,66	21,55	22,22	56,22	43,77
6.	<i>Centella asiatica</i>	Amerika	27,55	28,66	21,55	22,22	56,22	43,77
	<b>Rata-rata</b>		<b>27,49</b>	<b>28,63</b>	<b>21,74</b>	<b>22,12</b>	<b>56,21</b>	<b>43,78</b>

Berdasarkan **Tabel 2** perhitungan rata-rata nilai persentase AT dan GC content didapatkan AT content 56,21% terlihat lebih tinggi dibandingkan dengan GC content 43,78%, yang memperlihatkan bahwa spesies *Centella asiatica* (L.) Urban sifatnya lebih primitif. Persentase AT content juga terlihat lebih tinggi dibandingkan dengan persentase GC content pada kedua sampel yaitu sampel dengan penanda D<sub>1</sub> memiliki AT content (55,11%) dan GC content (44,88%), sedangkan pada sampel dengan penanda D<sub>2</sub> memiliki AT content (56,22%) dan GC content (43,77%). Pada tabel terlihat bahwa jumlah komposisi nukleotida AT content dan GC content sampel *Centella asiatica* (L.)

### Jarak Genetik (*Pairwise Distance*) Sampel dan Out-groups

Jarak genetik dilakukan untuk mengetahui tingkat kekerabatan pada berbagai makhluk hidup. Tingkatan kekerabatan yang tebilang paling dekat ditunjukkan dengan jarak genetik yang semakin kecil, selanjutnya untuk melihat kekerabatan yang semakin jauh dilihat dari jarak genetik yang semakin jauh (Vika *et al.*, 2015).

**Tabel 3.** Koefisien Similaritas Sampel dan Out-group (*Pairwise Distance*)

Spesies		1	2	3	4	5	6	7
1	<i>Centella asiatica</i> (D <sub>1</sub> )							
2	<i>Centella asiatica</i> (D <sub>2</sub> )	0.000						
3	<i>Centella asiatica</i> (Amerika)	0.000	0.000					
4	<i>Centella asiatica</i> (China)	0.059	0.059	0.059				
5	<i>Centella asiatica</i> (India)	0.000	0.000	0.000	0.059			
6	<i>Centella asiatica</i> (Thailand)	0.000	0.000	0.000	0.059	0.000		
7	<i>Passiflora foetida</i> (Indonesia)	1.401	1.401	1.401	1.387	1.401	1.401	

Pada **Tabel 3** didapatkan hasil bahwa nilai jarak genetik (*pairwise distance*) yang dianalisis dari seluruh spesies diatas, yaitu didapatkan nilai berkisar antara 0.00 hingga 0.05. Berdasarkan perhitungan kedua sampel *Centella asiatica* (L.) Urban dengan penanda D<sub>1</sub> dan D<sub>2</sub> dengan jarak genetik 0.00. Sedangkan jika dilihat dari tingkat genus *Centella* memiliki jarak genetik dengan sampel berkisar pada nilai 0.00 hingga 0.05. Hasil yang didapatkan ini menunjukkan bahwa seluruh sampel *Centella asiatica* (L.) Urban similar dan bahkan tidak ada jarak genetik diantara seluruh sampel. Nilai *pairwise distance* yang mendekati nilai 0.00 mempunyai kekerabatan dan jarak genetik yang dekat, sedangkan nilai angka yang tinggi jauh dari nilai 0.00 maka menunjukkan kekerabatan dan jarak genetik yang jauh antar spesies.

#### IV. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilaksanakan, maka dapat disimpulkan sebagai berikut :

1. Karakteristik molekuler pada ketiga sampel tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) dengan menggunakan sekuens gen *rbcL* didapatkan hasil panjang urutan nukleotida pada fragmen DNA amplikon yang terlihat berdasarkan *barcode* DNA pada sampel dengan penanda D<sub>1</sub> 567 bp dan penanda D<sub>2</sub> 562 bp yang memiliki urutan nukleotida yang berbeda.
2. Berdasarkan perhitungan rata-rata nilai persentase AT dan GC *content* didapatkan AT *content* 56,21% terlihat lebih tinggi dibandingkan dengan GC *content* 43,78%, yang memperlihatkan bahwa spesies *Centella asiatica* (L.) Urban sifatnya lebih primitif. Selanjutnya didapatkan nilai jarak genetik (*pairwise distance*) yaitu 0.00 yang artinya sampel tidak memiliki keragaman molekuler (keragaman genetik) dari spesies yang dikoleksi dari dua lokasi yang berbeda.
3. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan hubungan filogenetik tumbuhan pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) yang berasal dari Desa Pantai Labu Pekan Kabupaten Deli Serdang dan Jl. Air Bersih Ujung Kota Medan dengan menggunakan gen *rbcL* didapatkan seluruh spesies membentuk 5 klad yang berbeda. Spesies sampel yang diamati dengan penanda D<sub>2</sub> dan D<sub>3</sub> membentuk klad memiliki hubungan kekerabatan tidak terlalu jauh dengan spesies yang lainnya dan masih berada di klad yang sama, klad ini masuk kedalam kelompok *monofiletik*.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Anafarida, O., & Badruzsaufari. (2020). Analisis Filogenetik Mangga (*Mangifer* sp.) Berdasarkan Gen 5,8S rRNA. *Ziraa'Ah*, 45(2), 120–126.
- Anzani, A. N., Martiansyah, I., & Yuliyani, N. (2021). Studi In Silico DNA barcoding pada bunga soka (*Ixora*). *UIN Alauddin Makassar*, 168–169. <http://journal.uin-alauddin.ac.id/index.php/psb>
- Bafeel, S. O., Arif, I. A., Bakir, M. A., Khan, H. A., Farhan, A. H. A., Homaidan, A., Ahamed, A., & Thomas, Y. (2022). Evaluasi Komparatif Keberhasilan PCR dengan Primer Universal *Maturase K* (*matK*) dan *Ribulosa-1,5-Bifosfat Karboksilase Oksigenase Subunit Besar* (*rbcL*) Untuk Barcode Beberapa Tanaman Kering. *Plant Omics Journal*, 4(4), 195–198.
- Bagus, W. I. D. A., Wirawan, I. P. G., & Adiartayasa, I. W. (2019). Analisis Homologi Fragmen DNA CVPD r dari Jeruk Kinkit *Trophasia trifolia* Menggunakan BLAST Protein Dan BLAST Nukleotida. *Jurnal Agroekoteknologi Tropika*, 8(4), 381–387.
- Basith, A. (2015). Peluang gen *rbcL* sebagai DNA barcode berbasis DNA kloroplas untuk mengungkap keanekaragaman genetik padi beras hitam (*Oryza sativa* L.) lokal Indonesia. *Seminar Nasional XII Pendidikan Biologi FKIP UNS*, 938–941.

Rizki Syahreza D, Pima Sari Tambunan E, Idami Z : Uji Molekuler Menggunakan Gen *rbcL* Pada Tumbuhan Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban)

- El-Atroush, H., Magdy, M., & Werner, O. (2015). DNA Barcoding dari dua Tanaman obat yang terancam punah dari protektorat Abou Galoom. *Life Science Journal*, 12(9), 101–109. <https://doi.org/10.7537/marslsj120915.14>
- Ellyza, A. R. (2020). Keanekaragaman Tanaman Pegagan (*Centella asiatica* (L.) Urban) Pada Ketinggian Dan Lingkungan Yang Berbeda Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Molekuler Menggunakan Penanda ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*). *Skripsi*. Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim. Malang.
- Kolondam, B. J., Lengkong, E., Polii-Mandang, J., Semuel, R., & Pinaria, A. (2013). Barcode DNA Anthurium Gelombang Cinta (*Anthurium plowmanii*) berdasarkan gen *rbcL* dan *matK*. *Jurnal Bios Logos*, 3(1), 17–25. <https://doi.org/10.35799/jbl.3.1.2013.3385>
- Maruzy, A., Budiarti, M., & Subositi, D. (2020). Autentikasi *Centella asiatica* (L.) Urban (Pegagan) dan Adulterannya Berdasarkan Karakter Makroskopis, Mikroskopis, dan Profil Kimia. *Jurnal Kefarmasian Indonesia*, 10(1), 19–30. <https://doi.org/10.22435/jki.v10i1.1830>
- Narita, V., Arum, A. L., Isnaeni M, S., & Fawzya, N. Y. (2012). Analisis Bioinformatika Berbasis WEB Untuk Eksplorasi Enzim Kitosanase Berdasarkan Kemiripan Sekuens. *Jurnal Al-Azhar*, 1(4), 197.
- Rahmayani, L. (2021). Penentuan Barcode DNA Berdasarkan Lokus Gen *rbcL* Pada Zingiber *loerzingii* Valetton. *Skripsi*. Universitas Islam Negeri Sumatera Utara. Medan.
- Sagala, Z., & Sogandi. (2022). DNA Barcoding Tanaman Mangga Kasturi (*Mangifera indica*) Asal Kalimantan Selatan Berbasis DNA Kloroplas Gen *rbcL* dan *matK*. *Jurnal Ilmu Kefarmasian Indonesia*, 20(1), 38–43. <http://blast>.
- Seprianto. (2017). Modul Mata Kuliah Pengantar Bioinformatika (ibt 431). In *Esa Unggul* (Issue Ibt 431, pp. 1–86).
- Subari, A., Razak, A., & Sumarmin, R. (2021). Phylogenetic Analysis of *Rasbora* spp. Based on the Mitochondrial DNA COI gene in Harapan Forest. *Jurnal Biologi Tropis*, 21(1), 89–94. <https://doi.org/10.29303/jbt.v21i1.2351>
- Vika, T. O., Purwantoro, A., & Wulandari, R. A. (2015). Keragaman Molekuler pada Tanaman Lili Hujan (*Zephyranthes* spp.). *Jurnal Vegetalika*, 4(1), 70–77.

Accepted Date	Revised Date	Decided Date	Accepted to Publish
23 Oktober 2023	24 Oktober 2023	14 November 2023	Ya