

ABSTRAK

Alocasia reginae L. Linden ex N.E.Br. (*Silver Velvet* Borneo) adalah salah satu spesies tanaman hias yang populer dari *Araceae* karena mempunyai nilai estetika tinggi sehingga cukup prospektif di bidang ekonomi. Seperti yang diketahui bahwa *genetic database* dari *A. reginae* di dalam NCBI masih terbatas. Oleh karena itu, diperlukan adanya teknik DNA *barcoding* untuk mengetahui karakteristik basa nukleotida suatu sekuen yang terkandung di dalam genom *A. reginae*. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan: (1) mengetahui karakteristik profil sekuen DNA *region trnL-F* dari *A. reginae*; dan (2) mengetahui posisi *A. reginae* dalam pohon filogenetik berdasarkan *region trnL-F* yang dibandingkan dengan *database* NCBI. Manfaat dari penelitian ini meliputi: (1) mampu berperan sebagai dasar rujukan dalam upaya pemuliaan tanaman *A. reginae* berdasarkan karakteristik sekuen *trnL-F*; (2) mampu berkontribusi secara langsung terhadap perkembangan sistem klasifikasi *A. reginae* melalui penggunaan sekuen *trnL-F*; dan (3) mampu meningkatkan pengetahuan dan keterampilan penulis terkait pengaplikasian bioinformatika khususnya DNA *barcoding* guna mendukung upaya konservasi genetik tumbuhan di Indonesia. Penelitian DNA *barcoding* terhadap *Alocasia reginae* melibatkan berbagai tahapan meliputi ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis dan visualisasi fragmen DNA, sekuensing, dan analisis data. Proses analisis data didukung oleh penggunaan laman *GenBank* NCBI, *software* MEGA 12, dan laman *MultAlin*. *Output* yang dihasilkan dari analisis data meliputi komposisi basa nukleotida, jarak genetik, dan pohon filogenetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa profil sekuen *trnL-F* pada genom *A. reginae* mempunyai panjang sekuen *contig* 402 bp dan 406 bp dengan komposisi basa nukleotidanya meliputi T(U) (35,01%), C (17,88%), A (30,98%), dan G (16,12%). Sampel *A. reginae* dengan *A. nebula* dan *A. melo* memiliki nilai jarak genetik 0 mengindikasikan tidak terdapat adanya variasi nukleotida yang terdeteksi pada lokus *trnL-F* di antara ketiga spesies tersebut. Hal tersebut menunjukkan bahwa sekuen *trnL-F* memiliki keterbatasan resolusi dalam mendiskriminasi tumbuhan pada tingkatan taksa spesies.

Kata kunci: *A. reginae*, DNA *barcoding*, filogenetik.

ABSTRACT

Alocasia reginae L. Linden ex N.E.Br. (Silver Velvet Borneo) is a popular ornamental plant species from the Araceae family, renowned for its high aesthetic value, making it economically promising. However, the genetic database of *A. reginae* in NCBI remains limited. Therefore, DNA barcoding techniques are required to identify the nucleotide base characteristics of sequences within the *A. reginae* genome. This study aims to: (1) characterize the DNA sequence profile of the *trnL-F* region in *A. reginae*; and (2) determine the phylogenetic position of *A. reginae* based on the *trnL-F* region compared with the NCBI database. The significance of this research includes: (1) serving as a foundational reference for *A. reginae* breeding efforts based on *trnL-F* sequence characteristics; (2) directly contributing to the advancement of *A. reginae* classification systems through the use of the *trnL-F* sequence; and (3) Enhancing the author's knowledge and skills in bioinformatics applications, particularly DNA barcoding, to support plant genetic conservation in Indonesia. The DNA barcoding study of *Alocasia reginae* involves several stages, including DNA extraction, DNA amplification, electrophoresis and DNA fragment visualization, sequencing, and data analysis. The data analysis process is supported by the NCBI GenBank database, MEGA 12, and the MultAlin website. The outputs of the data analysis include nucleotide base composition, genetic distance, and phylogenetic trees. The results indicate that the *trnL-F* sequence profile in the *A. reginae* genome has a contig length of 402 bp and 406 bp, with a nucleotide composition of T(U) (35.01%), C (17.88%), A (30.98%), and G (16.12%). The genetic distance between *A. reginae*, *A. nebula*, and *A. melo* samples was 0, indicating no detectable nucleotide variation in the *trnL-F* locus among these three species. This suggests that the *trnL-F* sequence has limited resolution in discriminating plants at the species-level taxa.

Keywords: *A. reginae*, DNA barcoding, phylogenetic.