

RINGKASAN

Alocasia cuprea K. Koch merupakan spesies tanaman hias yang memiliki potensi ekonomi tinggi. Identifikasi spesies penting guna mendukung pemuliaan dan konservasi spesies ini. Namun, identifikasi morfologi memiliki keterbatasan, sehingga DNA barcoding menjadi cara alternatif untuk identifikasi akurat, cepat, dan efisien. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies *A. cuprea* secara molekuler menggunakan dua daerah, daerah *trnL-trnF* dan *psbA-trnH*, guna mendapatkan informasi hubungan kekerabatan dan mengukur perbedaan genetik berbasis nukleotida.

Penelitian ini dilaksanakan mulai dari bulan Februari 2025 hingga Juli 2025. Penelitian dimulai dengan tahap pengambilan sampel di Tanjung Selor, Kalimantan Utara, ekstraksi DNA menggunakan metode *Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB), amplifikasi DNA menggunakan primer *trnL-trnF* dan *psbA-trnH*, visualisasi DNA menggunakan gel agarosa 1% dan *GelDoc*, pengurutan DNA menggunakan metode Sanger, analisis sekuens DNA menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST), penyejajaran sekuens menggunakan *MultAlin*, rekonstruksi pohon filogeni menggunakan aplikasi MEGA 12 dengan metode *Maximum likelihood* serta metode *bootstrapping* sebanyak 1000 kali pengulangan.

Hasil amplifikasi DNA untuk sampel dengan marka *trnL-trnF* dan *psbA-trnH*, masing-masing memiliki ukuran 400 bp dan 700 bp. Analisis BLAST sampel marka *trnL-trnF* dengan 5 referensi data mampu mengidentifikasi sampel 01 dan 02 dengan persentase identifikasi mencapai 100%, sedangkan sampel 03 menunjukkan variasi intraspesifik dengan nilai 99,75% dengan data *A. cuprea* (JQ238740.1). Sementara, analisis BLAST sampel *psbA-trnH* dengan 13 referensi data menunjukkan persentase identifikasi mencapai nilai 93,84% dengan *A. odora* (AB331277.1). Analisis penyejajaran sekuens marka *trnL-trnF* menunjukkan variasi interspesifik pada basa ke-184 dan 334, dan variasi intraspesifik pada basa ke-398. Sementara, penyejajaran sekuens *psbA-trnH* menunjukkan variasi interspesifik yang mencolok mulai basa ke-331 hingga basa ke-620. Rekonstruksi pohon filogeni marka *trnL-trnF* menunjukkan sampel 01, 02, 03, dan sekuens *A. cuprea* referensi membentuk satu cabang. Sementara, pohon filogeni marka *psbA-trnH* menunjukkan sampel termasuk ke dalam kelompok *ingroup* tetapi terpisah dari data referensi NCBI. Jarak genetik antara sampel 01 dan 02, dengan data *A. cuprea* referensi bernilai 0, sedangkan sampel 03 bernilai 0,002. Sementara, jarak genetik sampel marka *psbA-trnH* bernilai 0,034 (terdekat) hingga bernilai 0,113 (terjauh). Komposisi basa nukleotida timin (T) dan sitosin (C) sampel marka *trnL-trnF* lebih tinggi dibandingkan dengan rata-rata, sedangkan sampel marka *psbA-trnH* memiliki komposisi basa adenin (A) yang lebih tinggi dibandingkan dengan rata-rata. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menambah data genetik *A. cuprea* di *GenBank*, mendukung upaya konservasi, program pemuliaan, serta menjadi referensi untuk pengembangan *A. cuprea* di bidang lainnya berbasis genetik.

SUMMARY

Alocasia cuprea is an ornamental plant species with high economic potential. Species identification is important to support breeding and conservation efforts. However, morphological identification has limitations; therefore, DNA barcoding serves as an alternative method for accurate, fast, and efficient species identification. This study aimed to molecularly identify *A. cuprea* using two regions, region *trnL-trnF* and *psbA-trnH*, to obtain information on phylogenetic relationships and to measure genetic differences based on nucleotide data.

This research was conducted from February 2025 to July 2025. The study began with sample collection in Tanjung Selor, North Kalimantan, followed by DNA extraction using the Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide (CTAB) method, DNA amplification using the *trnL-trnF* and *psbA-trnH* primers, DNA visualization using 1% agarose gel and GelDoc, DNA sequencing using the Sanger method, DNA sequence analysis using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST), sequence alignment using MultAlin, and phylogenetic tree reconstruction using the MEGA 12 application with the Maximum likelihood method and 1000 bootstrapping replications.

The DNA amplification results for samples using the *trnL-trnF* and *psbA-trnH* markers showed fragment sizes of 400 bp and 700 bp, respectively. BLAST analysis of samples using the *trnL-trnF* marker with 5 reference sequences successfully identified samples 01 and 02 with 100% identification percentage, while sample 03 showed intraspecific variation with a 99.75% match to *Alocasia cuprea* (JQ238740.1). Meanwhile, BLAST analysis of samples using the *psbA-trnH* marker with 13 reference sequences showed an identification percentage of 93.84% with *A. odora* (AB331277.1). Sequence alignment analysis of the *trnL-trnF* marker revealed interspecific variation at base positions 184 and 334, and intraspecific variation at base position 398. On the other hand, alignment of the *psbA-trnH* sequences showed prominent interspecific variation from base 331 to 620. Phylogenetic tree reconstruction using the *trnL-trnF* marker showed that samples 01, 02, 03, and the reference sequence of *A. cuprea* clustered into the same clade. Meanwhile, the phylogenetic tree using the *psbA-trnH* marker showed that the samples were included in the ingroup, but were separated from the NCBI reference data. The genetic distance between samples 01 and 02 and the reference data of *A. cuprea* was 0, while the distance for sample 03 was 0.002. In contrast, the genetic distance of the *psbA-trnH* marker samples ranged from 0.034 (closest) to 0.113 (farthest). The nucleotide composition of thymine (T) and cytosine (C) in the *trnL-trnF* marker samples was higher than the average, while the *psbA-trnH* marker samples had a higher adenine (A) content compared to the average. This study is expected to contribute to the genetic data of *A. cuprea* in GenBank, support conservation efforts, breeding programs, and serve as a reference for the genetic based development of *A. cuprea* in other fields.