

## Analisis Bibliometrik Perkembangan Aplikasi DNA Barcode pada Tanaman Buah di Indonesia

Sumarlina Sumarlina<sup>1\*</sup>, Tia Sofiani Napitupulu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Politeknik Negeri Jember, Jember, Indonesia

[sumarlina@polije.ac.id](mailto:sumarlina@polije.ac.id)\*

| Received: 15/06/2025 | Revised: 24/06/2025 | Accepted: 28/06/2025 |

Copyright©2025 by authors, all rights reserved. Authors agree that this article remains permanently open access under the terms of the Creative Commons Attribution License 4.0 International License

### Abstrak

Kajian keanekaragaman hayati dengan pendekatan molekuler telah banyak dilakukan, salah satunya dengan aplikasi *DNA barcode*. Sebagai negara megabiodiversitas, Indonesia memiliki banyak komoditas tanaman yang terus dikembangkan diantaranya tanaman buah. Kajian ini bertujuan untuk menganalisis perkembangan aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia dengan menggunakan metode studi literatur dengan pendekatan analisis bibliometric dan substansial. Kajian dilakukan melalui tiga tahapan utama yaitu pencarian literatur publikasi pada periode Tahun 2000 - 2025 dengan aplikasi *Publish or Perish*, analisis bibliometrik dengan *VOSviewer*, dan analisis substansial. Hasil kajian menunjukkan bahwa penelitian terkait aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia mengalami peningkatan jumlah dan keberagaman topik. Ada 4 kluster kata kunci yang terbentuk pada hasil visualisasi, yang menunjukkan pergeseran kata kunci dari fokus pada identifikasi karakter morfologi menjadi identifikasi berbasis molekuler melalui analisis DNA. Hal ini berkaitan dengan perkembangan teknologi dan metode analisis molekuler yang juga berkembang pesat. Lokus *DNA barcode* yang dikaji dapat berasal dari DNA inti maupun DNA kloroplas pada berbagai suku tanaman, dengan level taksa yang paling banyak dikaji ialah pada level marga dan spesies. Selain itu, pendekatan *in silico* yang memanfaatkan data sekunder *DNA barcode* juga telah banyak dikaji di Indonesia pada beberapa tahun terakhir.

Kata kunci: analisis molekuler, *DNA barcode*, keanekaragaman hayati, tanaman buah

### Abstract

*Biodiversity studies using molecular approaches have been widely conducted, one of which is with the application of DNA barcodes. As a megabiodiversity country, Indonesia has many plant commodities that continue to be developed, including fruit plants. This study aims to analyze the development of DNA barcode applications in fruit plants in Indonesia using a literature study method with a bibliometric and substantial analysis approach. The study was conducted through three main stages, namely searching for published literature in the period 2000 - 2025 with the Publish or Perish application, bibliometric analysis with VOSviewer, and substantial*

*analysis. The results of the study show that research related to DNA barcode applications in fruit plants in Indonesia has increased in number and diversity of topics. There are 4 keyword clusters formed in the visualization results, which show a shift in keywords from a focus on identifying morphological characters to molecular-based identification through DNA analysis. This is related to the development of technology and molecular analysis methods which are also developing rapidly. The DNA barcode loci studied can come from nuclear DNA or chloroplast DNA in various plant families, with the most studied taxa levels being at the genus and species levels. In addition, in silico approaches that utilize secondary DNA barcode data have also been widely studied in Indonesia in recent years.*

*Keywords: biodiversity, DNA barcode, fruit plants, molecular analysis,*

## 1. Pendahuluan

Indonesia merupakan salah satu negara megadiversitas, menyumbang sekitar 1,3 % dari luas daratan dunia, serta mendukung lebih dari 35.000 spesies flora dan 22.215 spesies fauna (Yulia et al., 2021). Keanekaragaman hayati ini merupakan aset untuk pembangunan berkelanjutan, ketahanan pangan, dan pemanfaatan sumber daya genetik. Biologi molekuler hadir sebagai pendekatan dalam identifikasi dan klasifikasi spesies yang lebih presisi. Biologi molekuler merupakan studi aktivitas molekuler dalam sel seperti sintesis, modifikasi, dan interaksi molekul biologis (Alberts et al., 2008), menjadi fondasi riset modern yang mampu mengidentifikasi keragaman genetik tingkat molekuler. Salah satu metode yang banyak dikaji saat ini adalah *DNA barcoding*, yang merupakan teknik identifikasi spesies menggunakan sekuen DNA pendek (kurang dari 1000 bp) dari wilayah genom standar yang memungkinkan identifikasi spesies secara cepat dan akurat (Rajphriyadharshini & Weerasena, 2020).

Teknik *DNA barcoding* pertama kali dikembangkan dengan gen COI sebagai penanda universal pada hewan (Hebert et al., 2003). Namun, penerapannya pada tumbuhan menghadapi tantangan akibat belum adanya lokus penanda tunggal yang bisa mengakomodasi seluruh kelompok tanaman. Gen-gen penanda yang umum digunakan dalam *DNA barcoding* tanaman diantaranya *matK*, *rbcL*, *internal transcribed spacer* (ITS), *psbA-trnH*, dan *trnL-F* (Cahyaningsih et al., 2022). Namun, hingga kini belum ada konsensus resmi terkait lokus DNA yang paling akurat dan general. Umumnya, studi yang dilakukan perlu mempertimbangkan jenis tanaman maupun tingkat kajian, misalnya pada level intraspesies atau lebih besar. Pendekatan *DNA barcode* umumnya banyak digunakan pada investigasi tata kelola tanaman obat (Sumarlina & Napitupulu, 2024), tetapi kemudian berkembang pada berbagai kelompok tanaman lain. Beragam studi di Indonesia telah mencoba mengaplikasikan *DNA barcoding* pada tanaman buah sebagai studi kasus. Misalnya penelitian terhadap mangga kasturi (Sagala & Sogandi, 2022), mengkudu (*Morinda citrifolia* L.) (Afrianti et al., 2023), *cucurbitaceae* (Nurbaiti et al., 2025a), durian kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) (Magandhi et al., 2024a), genus *Momordica* (Sumarlina & Napitupulu, 2023), nangka (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) (Palupi et al., 2019), dan salak (Budiyanti et al., 2015).

Secara umum, DNA barcoding terbukti sangat potensial dalam berbagai aspek, yang meliputi penguatan konservasi biodiversitas, menjamin keaslian spesies (*food authenticity*), pengendalian hama dan vektor penyakit, serta pelacakan asal geografis bahan pangan (*food traceability*) (Dawan & Ahn, 2022). Teknik ini telah diakui oleh lembaga regulasi seperti FDA

untuk mengidentifikasi komoditas pangan dan bahan herbal. *DNA barcoding* berperan sebagai metode andal, cepat, dan efektif dalam mencegah adulterasi dan *fraud* selama rantai nilai pangan. Meskipun demikian, hingga saat ini belum ada kajian sistematis yang memetakan perkembangan penelitian *DNA barcoding* pada tanaman buah di Indonesia yang merupakan salah satu produk hortikultura strategis nasional. Kekurangan kajian komprehensif ini menyebabkan minimnya landasan bagi pengembangan strategi riset, kebijakan konservasi, dan inovasi teknologi tanaman buah berbasis molekuler. Oleh karena itu, artikel ini mengadopsi pendekatan bibliometrik untuk menganalisis perkembangan dan aplikasi *DNA barcoding* pada tanaman buah di Indonesia. Fokus kajian mencakup identifikasi tren riset, identifikasi penanda molekuler yang digunakan, serta rekomendasi strategis. Dengan demikian, diharapkan kajian ini dapat memberikan kontribusi penting dalam mengakselerasi penggunaan *DNA barcoding* untuk mendukung konservasi, ketahanan pangan, dan inovasi hortikultura di Indonesia.

## 2. Metodologi Penelitian

Penelitian ini dilakukan dengan metode studi literatur, menggunakan dua pendekatan utama, yaitu analisis bibliometrik dan analisis substansial. Metode ini bertujuan untuk menggambarkan perkembangan riset serta mengidentifikasi pola aplikasi *DNA barcoding* pada tanaman buah di Indonesia secara menyeluruh dan terstruktur. Penelitian dilakukan pada Bulan Juni 2025 dengan langkah-langkah yang digunakan antara lain:

### 2.1. Strategi Pencarian Literatur

Langkah awal dalam kajian ini adalah pengumpulan literatur melalui basis data *Google Scholar* dengan bantuan perangkat lunak *Publish or Perish (PoP)*. Strategi pencarian menggunakan operator Boolean dengan kombinasi kata kunci: “*DNA barcode*” AND (tanaman OR plant OR buah). Kriteria pencarian dibatasi pada artikel yang dipublikasikan dalam rentang waktu Tahun 2000-2025 dan dikelompokkan dalam lima periode dalam jangka lima tahunan untuk mengamati dinamika dan tren perkembangan riset dari waktu ke waktu.

Selanjutnya, dilakukan tahap penyaringan awal (*screening*) terhadap hasil pencarian, dengan mempertimbangkan kelengkapan informasi pada judul dan abstrak sebagai dasar seleksi awal, dokumen ganda, dan relevansi dengan topik kajian.

### 2.2. Analisis Bibliometrik

Artikel yang lolos seleksi kemudian dianalisis menggunakan analisis bibliometrik. Terdapat 36 artikel terpilih, yang memiliki relevansi tinggi terhadap fokus kajian. Analisis dilakukan menggunakan bantuan perangkat lunak *VOSviewer* untuk mengevaluasi dan memvisualisasikan jejaring kata kunci yang terbentuk. Beberapa jenis visualisasi yang digunakan dalam kajian meliputi *network visualization*, *overlay visualization*, dan *density visualization*. Dari total 1.370 item kata kunci yang teridentifikasi, diterapkan batas minimal kemunculan (*occurrence*) sebanyak 3 kali, yang kemudian menghasilkan 48 item kata kunci utama. Selanjutnya, dipilih kata kunci yang paling relevan dengan topik kajian untuk dianalisis lebih lanjut hingga diperoleh hasil visualisasi.

### 2.3. Analisis Substansial

Setelah Analisis bibliometrik, tahap selanjutnya adalah kajian sistematis secara substansial terhadap judul, kata kunci, dan abstrak dari artikel yang telah terseleksi. Tujuan utama

analisis ini adalah: (1) mengidentifikasi lokus *DNA barcode* yang digunakan dalam setiap studi, (2) mengidentifikasi suku tanaman buah yang menjadi objek penelitian, dan (3) melihat fokus riset pada aplikasi *DNA barcoding* di Indonesia.

### 3. Hasil dan Pembahasan

Pencarian melalui *Publish or Perish* dengan penerapan sejumlah kata kunci telah menghasilkan data publikasi terkait perkembangan aplikasi *DNA barcode* tanaman buah di Indonesia pada Tahun 2000-2025. Namun, tidak ditemukan publikasi terkait pada periode Tahun 2000 – 2005. Metrik data publikasi Tahun 2006 – 2025 disajikan pada Tabel 1.

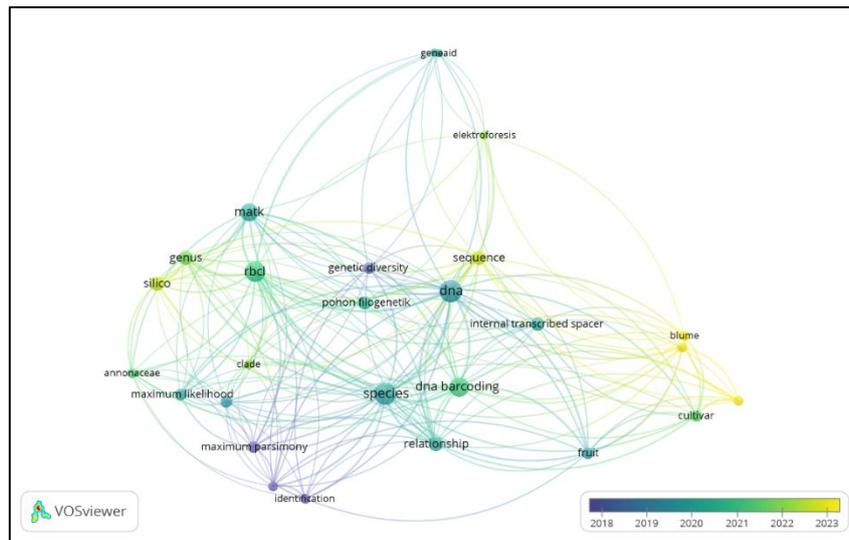
Tabel 1. Metrik Data Publikasi Terkait pada Periode 2000-2005

Metrik Data	Tahun Publikasi							
	2005-2010		2011-2015		2016-2020		2020-2025	
	DA	DT	DA	DT	DA	DT	DA	DT
Jumlah artikel publikasi	1	0	23	5	100	18	100	23
Jumlah Sitasi	1	0	223	33	659	120	173	35
Jumlah Sitasi/ tahun	0,06	0	15,93	2,36	73,22	13,33	43,25	8,75
Jumlah Sitasi/ artikel	0,06	0	9,70	6.60	6,59	6,67	1,73	1,52

Keterangan: DA = Data Awal; DT = Data Terpilih

(Sumber: Data diolah, 2005)

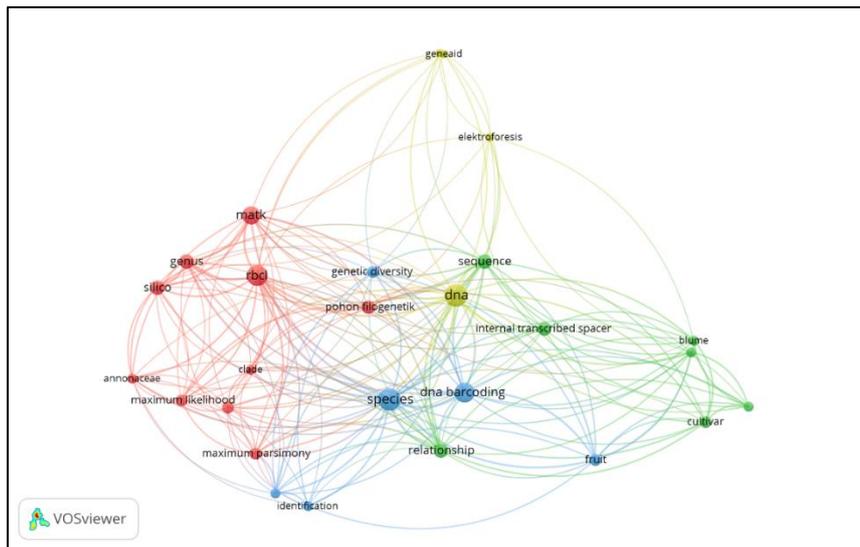
Tabel 1 menunjukkan bahwa kajian dengan aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia mulai berkembang sejak Tahun 2011 dan terus mengalami peningkatan hingga saat ini. Data tersebut juga menunjukkan adanya peningkatan jumlah publikasi yang relevan pada periode 2011 hingga 2025. Hal ini berarti bahwa tren perkembangan penelitian dengan pendekatan biologi molekuler dengan *DNA barcode* juga terjadi di Indonesia. Namun, hasil seleksi pada Tabel 1 juga menunjukkan bahwa publikasi yang relevan dengan kajian ini masih belum banyak, sehingga menjadi peluang bagi peneliti untuk melakukan pengembangan kajian yang lebih banyak dan lebih mendalam. Selain itu, data juga menunjukkan bahwa jumlah sitasi, sitasi/ tahun, dan sitasi/ artikel ditemukan paling banyak pada periode Tahun 2016 hingga 2020, meskipun jumlah publikasi yang terseleksi lebih sedikit dibanding periode berikutnya. Hal ini menunjukkan bahwa pada periode tersebut, kajian dengan pendekatan *DNA barcode* pada tanaman buah menjadi tren yang banyak dipelajari oleh para peneliti, sehingga memunculkan data sitasi yang tinggi. Selain itu, kajian pada tanaman buah yang mengalami peningkatan juga berkaitan dengan masuknya buah-buahan sebagai salah satu produk hortikultura strategis nasional. Dengan kata lain, tanaman buah juga berperan penting pada sektor agribisnis, sehingga penelitian terkait tanaman buah juga terus berkembang.



Gambar 1. Visualisasi temporal (*overlay visualization*) menggunakan *VOSviewer*

Data pada Tabel 1 selanjutnya masih diseleksi kembali berdasarkan kelengkapan dan relevansi substansinya, yang dilihat pada atribut judul, kata kunci, dan abstrak publikasi. Proses seleksi ini menghasilkan 36 artikel terpilih yang kemudian dianalisis menggunakan *VOSviewer* hingga menghasilkan hasil visualisasi. Visualisasi yang dihasilkan terdiri dari *overlay visualization* (Gambar 1), *network visualization* (Gambar 2), dan *density visualization* (Gambar 3). Visualisasi ini menggambarkan kata kunci-kata kunci terkait kajian *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia serta keterkaitan antar kata kunci, baik secara temporal maupun frekuensi.

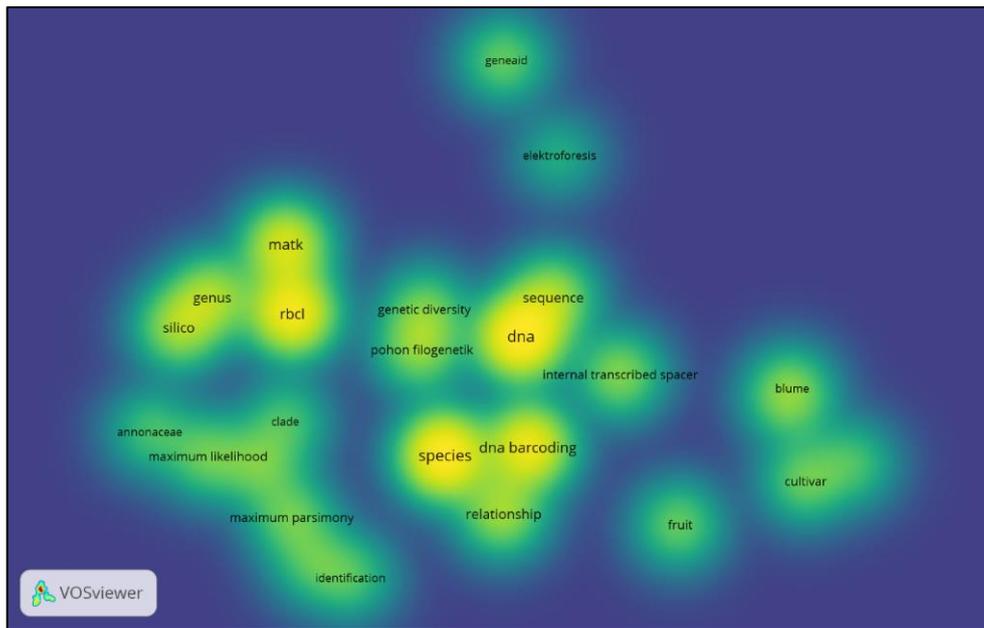
Hasil visualisasi temporal ini menggambarkan tren perkembangan kata kunci yang menjadi topik utama pada kajian terkait aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia. Pergeseran tersebut ditunjukkan dengan perubahan warna pada setiap kata kunci berdasarkan skala petunjuk temporal yang diberikan, dimana tingkat kecerahan warna menunjukkan kebaruan aplikasi kata kunci tersebut. Gambar 1 menunjukkan bahwa pada awal masa tingginya aplikasi *DNA barcode* pada tanaman, kata kunci penelitian banyak berfokus pada objek dan metode, diantaranya kata kunci “*dna*”, “*genetic diversity*”, “*maximum parsimony*”, “*morphological character*” dan “*identification*”. Selanjutnya, pergeseran secara temporal ditunjukkan dengan berkembangnya kata kunci yang masih terkait metode seperti “*maximum likelihood*”, “*relationship*”, “*pohon filogenetik*”, dan “*species*”. Pergeseran selanjutnya mulai merujuk pada kata kunci terkait dengan lokus DNA yang dikaji seperti “*matK*”, “*rbcL*”, dan “*internal transcribed spacer*”, yang kemudian diikuti dengan fokus kajian yang memperhatikan level taksonomi objeknya seperti munculnya kata kunci “*cultivar*” dan “*genus*”. Saat ini, kajian terkait aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia banyak berfokus pada kata kunci “*sequence*” dan “*insilico*” yang menunjukkan bahwa aplikasi *DNA barcode* tidak lagi bergantung pada hasil isolasi DNA secara langsung, melainkan juga dapat dilakukan berdasarkan data sekunder yang sudah ada pada pusat data internasional seperti *genbank*, NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), dan sebagainya.



Gambar 2. Visualisasi jejaring (*network visualization*) kata kunci menggunakan *VOSviewer*

Visualisasi jejaring kata kunci pada Gambar 2 menunjukkan terbentuknya empat kluster kata kunci yang digambarkan dalam warna yang berbeda. Kluster ini menggambarkan keterkaitan antar kata kunci. Kluster ini juga menggambarkan kelompok topik yang banyak dikaji. Kelompok kluster merah umumnya merupakan kata kunci yang berkaitan dengan metode analisis dan DNA *region* yang digunakan pada kajian *DNA barcode* tanaman buah di Indonesia. Kluster merah terdiri dari kata kunci “*annonaceae*”, “*clade*”, “*genus*”, “*matK*”, “*maximum likelihood*”, “*maximum parsimony*”, “*outgroup*”, “*pohon filogenetik*”, “*rbcL*”, dan “*silico*”. Kluster hijau terdiri dari kata kunci “*blume*”, “*cultivar*”, “*internal transcribed spacer*”, “*relationship*”, “*sequence*”, “*syzigium samarangense*”, dan “*wax apple*”. Kluster hijau ini umumnya berkaitan dengan jenis tanaman yang menjadi objek kajian serta kekerabatan antar tanaman tersebut yang dilihat berdasarkan *DNA barcodenya*. Kluster biru terdiri dari kata kunci “*dna barcoding*”, “*fruit*”, “*genetic diversity*”, “*identification*”, “*morphological character*”, dan “*species*”. Kluster biru ini berfokus pada bentuk umum kajian yang dilakukan yaitu seputar karakter morfologi, diversitas genetik dan *DNA barcode* pada tanaman buah. Kluster kuning terdiri dari kata kunci “*dna*”, “*elektroforesis*”, dan “*geneaid*”. Kluster kuning ini lebih terkait dengan metode teknis yang digunakan untuk bisa melakukan analisis dengan pendekatan *DNA barcode*.

Selain analisis keterkaitan kata kunci dan tren perkembangan kata kunci secara temporal, dihasilkan pula visualisasi densitas yang menunjukkan frekuensi penggunaan kata kunci tersebut (Gambar 3). Tingkat ketebalan warna menggambarkan tingkat frekuensi kata kunci tersebut digunakan dalam kajian terkait *DNA barcode* tanaman buah di Indonesia. Gambar 3 menunjukkan bahwa kata kunci yang paling banyak digunakan terdiri dari “*dna*”, “*species*”, “*dna barcoding*”, “*rbcL*”, “*matK*”, “*genus*”, dan “*silico*”. Hal ini berarti bahwa penelitian *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia banyak dilakukan dengan menggunakan penanda molekuler berupa *region matK* dan *rbcL*. Hal ini sejalan dengan penelitian yang menyatakan bahwa lokus *matK* memiliki keunggulan mudah diamplifikasi dan cukup representatif dalam menggambarkan variasi genetik pada tingkat marga dan suku (Ali et al., 2015). Selain itu, lokus *rbcL* merupakan lokus yang terlibat dalam fiksasi karbon dalam fotosintesis (Berry et al., 2016), sehingga memiliki cukup potensial sebagai lokus acuan pada kajian dengan *DNA barcode*.



Gambar 3. Visualisasi densitas (*density visualization*) menggunakan VOSviewer

Hasil visualisasi juga menunjukkan bahwa penelitian dengan aplikasi *DNA barcode* banyak dilakukan pada taksa level genus dan spesies. Hal ini berkaitan tujuan penelitian yang umumnya berfokus pada eksplorasi dan identifikasi keanekaragaman hayati di Indonesia pada level tersebut. Penelitian terkait pemuliaan tanaman dan produksi varietas unggul juga menjadi salah satu kemungkinan banyaknya kajian *DNA barcode*, khususnya pada level spesies. Visualisasi densitas ini juga menunjukkan bahwa analisis *DNA barcode* dengan pendekatan *insilico* telah banyak digunakan di Indonesia, sehingga tergambar dengan densitas yang cukup tinggi. Beberapa diantaranya ialah penelitian pada suku *Annonaceae* (Turhadi & Hakim, 2023b), *Cactaceae* (Aulia, 2022), dan *Rutaceae* (Muthi'ah & Jannah, 2023).

Selain hasil visualisasi yang diperoleh melalui pendekatan bibliometrik diatas, dilakukan pula analisis substansial untuk mengidentifikasi lokus *DNA barcode* dan suku tanaman yang banyak dikaji di Indonesia, serta topik yang paling banyak menjadi pusat perhatian dalam kajian. Hasil identifikasi tersebut disajikan pada Tabel 2. Tabel 2 menunjukkan bahwa lokus *DNA barcode region* yang digunakan dapat berasal dari DNA inti (*Nuclear DNA*), DNA kloroplas (*Chloroplast DNA*), maupun kombinasi diantaranya. Hal ini menunjukkan bahwa kajian terkait efektivitas lokus *DNA region* tertentu juga masih menjadi bahan kajian utama yang masih perlu banyak pengembangan untuk menemukan lokus yang paling tepat untuk tujuan spesifik pada level taksa tertentu.

Tabel 2. DNA Region dan Suku Tanaman Buah dengan Aplikasi *DNA barcode* di Indonesia

DNA Region	Lokus DNA	Suku yang Dikaji	Penulis dan Tahun
DNA Inti	ITS	<i>Ebenaceae</i>	(Zahro, 2023)
		<i>Musaceae</i>	(Gusmiati, 2018)
		<i>Anacardiaceae</i>	(Arif, 2013)
		<i>Myrtaceae</i>	(Chika et al., 2024)

DNA Region	Lokus DNA	Suku yang Dikaji	Penulis dan Tahun
DNA kloroplas	matK		(Martiansyah, 2021)
		<i>Rutaceae</i>	(Muthi'ah & Jannah, 2023)
		<i>Anacardiaceae</i>	(Ode, 2021)
		<i>Dipterocarpaceae</i>	(Suhardi et al., 2024)
		<i>Myrtaceae</i>	(Irawan et al., 2016; Kamaliah, 2020; S et al., 2019)
		<i>Solanaceae</i>	(Lawodi, 2013)
		<i>Rutaceae</i>	(Suriani et al., 2021)
	rbcL	<i>Cucurbitaceae</i>	(Retnaningati, 2017)
		<i>Musaceae</i>	(Murtadlo, 2018)
		<i>Myristicaceae</i>	(Ingkiriwang et al., 2018)
		<i>Anacardiaceae</i>	(Juliantari & SofiyantiI, 2016)
	ndhF	<i>Rosaceae</i>	(Onuki, 2024)
		<i>Myrtaceae</i>	(Roslim & Fitriani, 2021)
			(Meilina et al., 2024)
	psbA-trnH	<i>Cucurbitaceae</i>	(Nurbaiti et al., 2025)
ndhF-rpl32 dan rpl32-trnL	<i>Cucurbitaceae</i>	(Heritiera, 2024)	
Kombinasi	matK + rbcL	<i>Moraceae</i>	(Mursyidin & Makruf, 2020)
	trnL F + matK + rbcL	<i>Annonaceae</i>	(Lestari et al., 2018)
		<i>Magnoliaceae</i>	
	rbcL, ndhF, dan matK	<i>Cactaceae</i>	(Aulia, 2022)
	rbcL, trnL-F, matK, psbA-trnH, dan ndhF	<i>Annonaceae</i>	(Turhadi & Hakim, 2023a, 2023b)
trnL-trnF, matK, rbcL, rpoC1, ycf1 dan ITS	<i>Malvaceae</i>	(Wangiyana, 2020)	

DNA Region	Lokus DNA	Suku yang Dikaji	Penulis dan Tahun
	<i>rbcL</i> , <i>matK</i> , <i>trnL-trnF</i> , dan <i>ITS</i>	<i>Malvaceae</i>	(Magandhi et al., 2024)

DNA inti yang digunakan pada kajian tanaman buah dengan aplikasi *DNA barcode* ialah lokus *ITS* (*internal transcribed spacer*). *ITS* tersusun atas *intergenic spacer* *ITS1*, *rDNA* 5,8S, dan *intergenic spacer* *ITS2*, dengan total ukuran berkisar antara 400-1000 bp (Ali et al., 2015). Lokus ini banyak digunakan pada suku *Ebenaceae*, *Musaceae*, *Anacardiaceae*, *Myrtaceae*, *Rutaceae*. DNA kloroplas yang digunakan terdiri dari lokus *matK*, *rbcL*, *ndhF*, dan *psbA-trnH*. Lokus *matK* banyak digunakan pada suku *Anacardiaceae*, *Dipterocarpaceae*, *Myrtaceae*, *Solanaceae*, *Rutaceae*, dan *Cucurbitaceae*. Lokus *rbcL* banyak digunakan pada suku *Musaceae*, *Myristicaceae*, *Anacardiaceae*, dan *Rosaceae*. Selain itu, lokus *ndhF* banyak digunakan pada suku *Myrtaceae*, sedangkan lokus *psbA-trnH* banyak digunakan pada suku *Cucurbitaceae*. Data pada Tabel 2 tersebut juga menunjukkan bahwa lokus yang berasal dari DNA kloroplas lebih banyak digunakan pada kajian *DNA barcode* di Indonesia dibandingkan dengan DNA inti. Hal tersebut karena DNA kloroplas memiliki susunan genom yang sangat *conserved* yaitu relatif bebas dari deleksi, insersi, transposisi, inversi, dan SNP (Ali et al., 2014).

DNA kombinasi yang digunakan pada aplikasi *DNA barcode* tanaman buah di Indonesia dapat terdiri dari lokus-lokus yang berasal dari DNA kloroplas. Contohnya ialah kombinasi lokus *ndhF-rpl32* dan *rpl32-trnL* yang digunakan pada suku *Cucurbitaceae*. Kombinasi lokus *matK* dan *rbcL* banyak digunakan pada suku *Moraceae*. Ada pula kajian dengan kombinasi lokus *trnL F + matK + rbcL* yang banyak digunakan pada suku *Annonaceae* dan *Magnoliaceae*. Selain itu, kombinasi lokus *rbcL*, *ndhF*, dan *matK* banyak digunakan pada suku *Cactaceae*, sedangkan kombinasi lokus *rbcL*, *trnL-F*, *matK*, *psbA-trnH*, dan *ndhF* digunakan pada suku *Annonaceae*. Sejalan dengan hal tersebut, pendekatan *multilocus DNA Barcodes* berdasarkan data sekuens DNA pada plastid (kloroplas) merupakan strategi yang efektif dalam penentuan dan identifikasi spesies tanaman (Fazekas et al., 2008). Disisi lain, kombinasi antara lokus dari DNA inti dan DNA kloroplas juga telah dilakukan di Indonesia, khususnya pada suku *Malvaceae*.

Analisis substansial yang dilakukan juga mengidentifikasi topik umum dan metode teknis yang banyak digunakan dalam penelitian dengan aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia. Secara umum, publikasi-publikasi relevan yang telah dikaji banyak berfokus pada eksplorasi, identifikasi, analisis variasi genetik, dan hubungan kekerabatan antar tanaman pada tingkatan taksa tertentu. Beberapa metode spesifik yang sering digunakan diantaranya ialah *maximum parsimony* dan *maximum likelihood* dengan mempertimbangkan *bootstrap value* sebagai acuan dalam penentuan *clade* maupun jarak genetik objek kajian. Sejalan dengan hal tersebut, penelitian lain yang juga menunjukkan bahwa metode *maximum parsimony* merupakan metode yang paling banyak digunakan dalam rekonstruksi pohon filogenetik (Aprilyanto & Sembiring, 2016).

Kajian-kajian tersebut menunjukkan bahwa Indonesia juga turut mengikuti tren perkembangan kajian biodiversitas yang bergeser dari pendekatan morfologi menuju analisis biologi molekuler, salah satunya melalui *DNA barcode*. Namun, analisis dengan pendekatan morfologi tetap diperlukan dalam kajian biodiversitas. Gambaran perkembangan aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia ini diharapkan dapat menjadi dasar bagi peneliti baik

pada bidang biologi molekuler, taksonomi, biodiversitas, pemuliaan tanaman, maupun manajemen sumber daya alam untuk menentukan langkah-langkah kajian lanjutan.

#### 4. Kesimpulan

Hasil kajian ini menunjukkan bahwa penelitian terkait aplikasi *DNA barcode* pada tanaman buah di Indonesia mengalami peningkatan dalam hal jumlah maupun keberagaman topik selama periode Tahun 2000 hingga 2025. Hasil visualisasi menghasilkan terbentuknya 4 kluster kata kunci yang menunjukkan pergeseran kata kunci yang menjadi topik penelitian yang awalnya berfokus pada identifikasi karakter morfologi menjadi identifikasi berbasis molekuler melalui analisis DNA. Keempat kluster tersebut terdiri dari kelompok kata kunci yang berbeda yaitu metode analisis dan *DNA region* yang digunakan, jenis tanaman, karakter morfologi dan diversitas genetik, serta metode teknis *DNA barcode*. Lokus *DNA barcode* yang digunakan dapat berasal dari DNA inti maupun DNA kloroplas pada berbagai suku tanaman, dengan level taksa yang paling banyak dikaji ialah pada level marga dan spesies. Lokus *DNA barcode* inti yang digunakan yaitu lokus ITS, sedangkan lokus DNA kloroplas terdiri dari *matK*, *rbcL*, *ndhF*, dan *psbA-trnH*. Beberapa penelitian juga menggunakan kombinasi dari beberapa lokus *DNA barcode*. Selain itu, pendekatan *in silico* yang memanfaatkan data sekunder *DNA barcode* juga telah banyak dikaji di Indonesia. Oleh karena itu, berbagai penelitian lanjutan dapat dilakukan dengan mempertimbangkan tren perkembangan tersebut, sehingga dampak yang dihasilkan dari riset dengan pendekatan *DNA barcode* di Indonesia dapat lebih optimal.

#### Daftar Pustaka

- Ali, M. A., Gabor, G., & Al-Hemaid, F. (2015). *Plant DNA barcoding and phylogenetics*. Lambert Academic Publishing.
- Ali, M. A., Gyulai, G., Hidvegi, N., Kerti, B., Al Hemaid, F. M. A., Pandey, A. K., & Lee, J. (2014). The changing epitome of species identification–DNA barcoding. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 21(3), 204–231.
- Aprilyanto, V., & Sembiring, L. (2016). *Filogenetik molekuler*. Innosain.
- Arif, S. M. (2013). *Molecular phylogeny of selected mango cultivars based on internal transcribed spacer (ITS) region* [Undergraduate thesis, Universiti Teknologi Malaysia]. <http://eprints.utm.my/33228/>
- Aulia, A. (2022). Studi *in silico* potensi DNA barcode berbasis DNA kloroplas (CpDNA) untuk identifikasi variasi genetik *Opuntia* sp. *Jurnal Syntax Admiration*, 3(1). <https://www.jurnalsyntaxadmiration.com/index.php/jurnal/article/view/512>
- Berry, J. O., Mure, C. M., & Yerramsetty, P. (2016). Regulation of Rubisco gene expression in C4 plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 31, 23–28.
- Chika, S., Meilina, T. D., Arfan, M. R., Febriana, A., & Mukaromah, A. S. (2024). Genetic variation of wax apple (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry) cultivar using internal transcribed spacer 2 (ITS2). *Jurnal Biologi Tropis*, 22(2), 153–165.
- Fazekas, A. J., Burgess, K. S., Kesanakurti, P. R., Graham, S. W., Newmaster, S. G., Husband, B. C., Percy, D. M., Hajibabaei, M., & Barrett, S. C. H. (2008). Multiple multilocus

DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well. *PLoS ONE*, 3(7), e2802. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002802>

- Gusmiati, L. H. (2018). Dinamika evolusi dan filogeografi pisang raja (*Musa spp.*) di wilayah Jawa Timur, Jawa Tengah, dan Jakarta berdasarkan daerah ITS (internal transcribed spacer). [Undergraduate thesis, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang]. <http://etheses.uin-malang.ac.id/id/eprint/13278>
- Heritiera, A. R. (2024). Variasi genetik dan hubungan kekerabatan melon (*Cucumis melo L.*) Indonesia berdasarkan intergenic spacer DNA kloroplas. [Undergraduate thesis, Universitas Gadjah Mada]. <https://etd.repository.ugm.ac.id/penelitian/detail/235624>
- Ingkiriwang, M., Repi, R. A., & Nanlohy, F. N. (2018). Analisis filogeni molekuler tanaman pala (*Myristica sp.*) dari Tahuna menggunakan gen *rbcL* DNA kloroplas. *JSME (Jurnal Sains, Matematika, dan Edukasi)*, 5(2), 137–144.
- Irawan, P. D., Tallei, T. E., & Kolondam, B. J. (2016). Analisis sekuens dan filogenetik beberapa tumbuhan *Syzygium* (Myrtaceae) di Sulawesi Utara berdasarkan gen *matK*. *Jurnal Ilmiah Sains*, 16(1), 9–15.
- Juliantari, E., & Sofiyanti, N. (2016). Analisis filogenetik *Mangifera odorata* Sumatera Tengah dan kerabatnya menggunakan gen *rbcL*. *Jurnal Riau Biologia*, 1(1), 14–21.
- Kamaliah, M. S. (2020). Keragaman genetik jamblang (*Syzygium cumini*) di Aceh Besar menggunakan *matK*. [Undergraduate thesis, Universitas Islam Negeri Ar-Raniry]. <https://repository.ar-raniry.ac.id/id/eprint/32638/>
- Lawodi, E. N. (2013). Variasi genetik tanaman tomat dari beberapa tempat di Sulawesi Utara berdasarkan gen *matK*. *Pharmakon*, 2(1), 23–30.
- Lestari, D. A., Azrianingsih, R., & Hendrian, H. (2018). Filogenetik jenis-jenis Annonaceae dari Jawa Timur koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan coding dan non-coding sekuens DNA. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 3(1), 21–32.
- Magandhi, M., Matra, D. D., & Kusumo, Y. W. E. (2024). Analisis keragaman genetik durian kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) berdasarkan marka morfologi, DNA barcoding dan simple sequence repeat. *AGRIKA*, 22(1), 44–53.
- Martiansyah, I. (2021). Mini review: Pendekatan molekuler DNA barcoding – studi kasus identifikasi dan analisis filogenetik *Syzygium* (Myrtaceae). *Prosiding Biologi: Achieving the Sustainable Development Goals with Biodiversity in Confronting Climate Change*, 187–195.
- Meilina, T. D., Chika, S., Hariri, M. R., Febriana, A., & Mukaromah, A. S. (2024). *psbA-trnH* intergenic spacer profile of wax apple (*Syzygium samarangense* (Blume) Merr. & L.M. Perry) cultivars. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 29(2), 67–76.
- Mursyidin, D. H., & Makruf, M. I. (2020). Keanekaragaman dan kekerabatan genetik *Artocarpus* berdasarkan penanda DNA kloroplas *matK* dan *rbcL*: Kajian *in silico*. *Floribunda*, 5(1), 31–39.
- Murtadlo, A. A. A. (2018). Evolusi molekuler dan biogeografi pisang raja di Pulau Jawa berdasarkan gen *rbcL* (large subunit ribulose 1,5-biphosphat carboxylase/oxygenase).

[Undergraduate thesis, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang].  
<http://etheses.uin-malang.ac.id/id/eprint/13281>

- Muthi'ah, S. N., & Jannah, M. (2023). Analisis filogenetik pada spesies jeruk (*Citrus* sp.) berdasarkan sekuens ITS secara *in silico*. *BIO-SAINS: Jurnal Ilmiah Biologi*, 11(2), 105–112.
- Nurbaiti, N., Roslim, D., & Herman, H. (2025). A DNA barcoding multilocus analysis in the Cucurbitaceae family. *Jurnal Biologi Tropis*, 22(1), 30–38.
- Ode, F. N. V. (2021). Identifikasi morfologi dan molekuler mangga lokal (*Mangifera* spp.) di Kampus Tamalanrea Universitas Hasanuddin. [Undergraduate thesis, Universitas Hasanuddin]. <https://repository.unhas.ac.id/id/eprint/10363/>
- Onuki, R. (2024). Karagaman morfologi dan genotip varietas tanaman stroberi (*Fragaria* spp.) di Desa Pancasari Kecamatan Sukasada. [Undergraduate thesis, Universitas Pendidikan Ganesha]. <https://repo.undiksha.ac.id/id/eprint/18624>
- Retnaningati, D. (2017). Hubungan filogenetik intraspecies *Cucumis melo* L. berdasarkan DNA barcode gen *matK*. *Biota: Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*, 13(1), 62–67.
- Roslim, D. I., & Fitriani, A. (2021). Barkoding DNA pada tumbuhan durik-durik (*Syzygium* sp.) asal Riau menggunakan daerah gen *ndhF*. *Jurnal Bios Logos*, 11(2), 101–108.
- S, P. F., Tasirin, J. S., & Wulandari, R. (2019). Pakoba genetic diversity: A preliminary study of pakoba diversity. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 5(2), 477–481.
- Suhardi, R. E., Fajri, H., Aditya, A. P., Vallahayil, F. A., Nawawi, H. H., Laut, B., & Tenggara, K. P. (2024). Phylogenetic analysis of the Dipterocarpaceae family in the peatland vegetation of Danau Sentarum National Park using *in silico* approaches based on *matK* sequences. *Indonesian Journal of Biotechnology and Biodiversity*, 10(1), 12–22.
- Suriani, C., Prasetya, E., Harsono, T., Manurung, J., Prakasa, H., Handayani, D., Jannah, M., & Rachmawati, Y. (2021). DNA barcoding of andaliman (*Zanthoxylum acanthopodium* DC) from North Sumatra Province of Indonesia using *matK* gene. *Tropical Life Science Research*, 32(2), 77–86.
- Turhadi, & Hakim, L. (2023a). Evaluasi lokus kloroplas untuk DNA barcoding pada marga *Stelechocarpus* (Annonaceae) secara *in silico*. *Agro Bali*, 6(1), 56–64.
- Turhadi, & Hakim, L. (2023b). In-silico evaluation of chloroplast loci for DNA barcoding on genus *Stelechocarpus* (Annonaceae). *CAB Abstracts*. <https://doi.org/10.5555/20230213622>
- Wangiyana, I. (2020). DNA barcoding library database of *Aquilaria* member and *Gyrinops* member. *Jurnal Silva Samalas*, 4(2), 93–101.
- Zahro, L. (2023). Identifikasi *Diospyros* sp. (Ebenaceae) asal Sumatra koleksi Kebun Raya Bogor berdasarkan karakter morfologi dan molekuler. [Undergraduate thesis, Universitas Islam Negeri Walisongo]. <https://eprints.walisongo.ac.id/id/eprint/21889/>