



REPUBLIK INDONESIA
KEMENTERIAN HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA

SURAT PENCATATAN CIPTAAN

Dalam rangka perlindungan ciptaan di bidang ilmu pengetahuan, seni dan sastra berdasarkan Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta, dengan ini menerangkan:

Nomor dan tanggal permohonan : EC00202135346, 28 Juli 2021

Pencipta

Nama : **Dr. Sundari, S.Pd, M.Pd, Dr. Abdu Masúd, S.Pd, M.Pd dkk**

Alamat : Jl. Yusuf Abdurahman, Kampus II UNKHAIR, Kotak Pos 53, Kel. Gambesi, Ternate Maluku Utara, 97719, Ternate, MALUKU UTARA, 97719

Kewarganegaraan : Indonesia

Pemegang Hak Cipta

Nama : **LPPM Universitas Khairun**

Alamat : Jl. Yusuf Abdurahman, Kampus II UNKHAIR, Kotak Pos 53, Kel. Gambesi, Ternate Maluku Utara, 97719, Ternate, MALUKU UTARA, 97719

Kewarganegaraan : Indonesia

Jenis Ciptaan : **Karya Ilmiah**

Judul Ciptaan : **Sekuens DNA Berdasarkan Gen ITS Dari Cengkeh AFO Dan Sibela**

Tanggal dan tempat diumumkan untuk pertama kali di wilayah Indonesia atau di luar wilayah Indonesia : 26 Juli 2021, di Ternate

Jangka waktu perlindungan : Berlaku selama 50 (lima puluh) tahun sejak Ciptaan tersebut pertama kali dilakukan Pengumuman.

Nomor pencatatan : 000262032

adalah benar berdasarkan keterangan yang diberikan oleh Pemohon.

Surat Pencatatan Hak Cipta atau produk Hak terkait ini sesuai dengan Pasal 72 Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta.

a.n. MENTERI HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA
DIREKTUR JENDERAL KEKAYAAN INTELEKTUAL



Dr. Freddy Harris, S.H., LL.M., ACCS.
NIP. 196611181994031001

Disclaimer:

Dalam hal pemohon memberikan keterangan tidak sesuai dengan surat pernyataan, menteri berwenang untuk mencabut surat pencatatan permohonan.

LAMPIRAN PENCIPTA

No	Nama	Alamat
1	Dr. Sundari, S.Pd, M.Pd	Jl. Yusuf Abdurahman, Kampus II UNKHAIR, Kotak Pos 53, Kel. Gambesi, Ternate Maluku Utara, 97719
2	Dr. Abdu Masúd, S.Pd, M.Pd	Jl. Yusuf Abdurahman, Kampus II UNKHAIR, Kotak Pos 53, Kel. Gambesi, Ternate Maluku Utara, 97719
3	Indah Rodianawati, STP., MSc.	Jl. Yusuf Abdurahman, Kampus II UNKHAIR, Kotak Pos 53, Kel. Gambesi, Ternate Maluku Utara, 97719



Sekuens DNA Berdasarkan Gen ITS dari Cengkeh AFO dan Sibela

Karya cipta sekuen cengkeh tertua AFO dan SIBELA di Maluku utara merupakan produk luaran karya ilmiah Analisis filogenetik cengkeh tertua di Maluku Utara. Cengkeh merupakan tanaman rempah asli di Indonesia khususnya Maluku dan Maluku Utara. Analisis filogenetik, menggunakan metode parsimony dan metode Neighbour Joining dari 4 spesies cengkeh asli Maluku Utara yaitu cengkeh tertua (*Syzygium aromaticum* L. Merril & Perry) varietas Afo dari pulau Ternate dan cengkeh liar Sibela dari Pulau Bacan telah dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk membagan suatu model konservasi genetik melalui kegiatan riset keanekaragaman genetik dan filogenetik untuk seleksi sifat unggul sumber daya genetik cengkeh tertua dan asli dari pulau Ternate dan Bacan. Urgensi penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi terhadap model konservasi dan pemuliaan sumber daya genetik cengkeh tertua di Maluku Utara dalam rangka peningkatan kualitas dan mutu cengkeh asli melalui rekomendasi jenis-jenis varietas cengkeh unggul yang layak dikembangkan berdasarkan data genetik dengan aplikasi DNA barcode. Metode isolasi DNA dengan menggunakan Geneid plant DNA kit dan telah berhasil di amplifikasi menggunakan Polymerase Chain Reaction (PCR) teknik menggunakan specific primer internal transkripsi spacer (ITS) berurutan dalam ribosomal nuklir DNA. Sekuen ITS berhasil di amplifikasi sepanjang 600 bp. Kontruksi Pohon filogenetik menunjukkan bahwa semua individu dari setiap spesies cengkeh asli di Maluku Utara membentuk kelompok monofiletik. Selanjutnya diketahui bahwa cengkeh Afo 1 dari pulau Ternate merupakan nenek moyang dari cengkeh asli Maluku Utara. Cengkeh Afo 2 dari Ternate dan cengkeh liar Sibela dari Pulau Bacan merupakan spesies cengkeh asli Maluku Utara yang paling modern dan memiliki tingkat evolusioner termuda berdasarkan pohon filogenetik.

Karakteristik Urutan Sekuens

Komposisi nukleotida wilayah ITS pada empat sampel cengkeh menunjukkan kandungan basa G+C yang tinggi dengan rata-rata 62,79%. Wilayah ITS sebagai wilayah non-coding atau intron diketahui memiliki kandungan G+C yang tinggi karena dikaitkan dengan fungsi terkaitnya dalam transkripsi dan translasi. Sekuens DNA dengan kandungan G+C yang lebih tinggi merupakan hotspot mutasi, basa C sering termetilasi dan terjadi kesalahan selama penggandaan (Hapsari et al. 2018).

Data hasil Alignment sekuen Cengkih Afo dan Cengkeh Sibela sebagai berikut:

	5	15	25	35	45	55
Tte-A-52	TGATAGGTAG	ATTCGTGGAG	CGTGTGCATG	AGCGACACGC	ACGACATTGA	TCATTGGGGT
Tte-B-2	TAGCAGA-TG	ACCAGAGAAC	CGGTAACAAA	CTCAATGGGG	ACGGTGGGCC	TCGCCAACG
Sibela-B-4	TGATAGGTAG	ATTCGTGGAG	CGTGTGCATG	AGCGACACGC	ACGACATTGA	TCATTGGGGT
Sibela-E-5	TGATAGGTAG	ATTCGTGGAG	CGTGTGCATG	AGCGACACGC	ACGACATTGA	TCATTGGGGT
NCBI	TAGCAGAATG	ACCAGAGAAC	CGGTAACAAA	CTCAATGGGG	ACGGTGGGCC	TCGCCAACG
Out_group-	TAGCAGAATG	ACCAGAGAAC	ACGTAACGAA	CTCAATAGGG	ACGGTGGGAT	TTCCCCATCG
Out_group-	TAGCAGAATG	ACCAGAGAAC	TCGTAACGAA	CTCAATGGGG	ACGGTGGGTT	TTTCCCCATCG

	65	75	85	95	105	115
Tte-A-52	CTCATCAACC	ACCGAATGTC	GTG-GTGCTA	ATCGCTCCAA	CGCTCGATTT	TGGGCCAAC
Tte-B-2	TCTCTAGACG	CTTGGATGGC	ACGGGTGCCG	GGCGCTCGGG	CTTTCGGCAC	AACGAACCCC
Sibela-B-4	CTCATCAACC	ACCGAATGTC	GTG-GTGCTA	ATCGCTCCAA	CGCTCGATTT	TGGGCCAAC
Sibela-E-5	CTCATCAACC	ACCGAATGTC	GTG-GTGCTA	ATCGCTCCAA	CGCTCGATTT	TGGGCCAAC
NCBI	TCTCTAGACG	CTTGGATGGC	ACGGGTGCCG	GGCGCTCGGG	CTTTCGGCAC	AACGAACCCC
Out_group-	GCCCTCGACG	CTCGGATCGC	ACGAGCGCCG	AGCGCTCGAG	CTTTCGGCAC	AACGAACCCC
Out_group-	GCCCTCGACG	CCC GGATCGC	ACGGGCGCCG	AGCGCTCGTG	CTTTCGGCAC	AACGAACCCC

	125	135	145	155	165	175
Tte-A-52	GGGATAAGGT	CATCTCGGGA	GGCCAACGTA	CGCACCCAAG	TCCCGCCCCG	CCAATTC AAG
Tte-B-2	GGCGCGGAAT	GCGCCAAGGA	ACTTTAACAA	GAGAGCGATG	CTCCCGCCGT	CCCGGACATG
Sibela-B-4	GGGATAAGGT	CATCTCGGGA	GGCCAACGTA	CGCACCCAAG	TCCCGCCCCG	CCAATTC AAG
Sibela-E-5	GGGATAAGGT	CATCTCGGGA	GGCCAACGTA	CGCACCCAAG	TCCCGCCCCG	CCAATTC AAG
NCBI	GGCGCGGAAT	GCGCCAAGGA	ACTTTAACAA	GAGAGCGATG	CTCCCGCCGT	CCCGGACATG
Out_group-	GGCGCGGAAT	GCGCCAAGGA	ACTCGAACAA	GAGAGCGATG	CTCCATCCAC	CCCAGACATG
Out_group-	GGCGCGGAAT	GCGCCAAGGA	ACTCGAACAA	GAGAACGATG	CTCCATCCGC	CCCAAACATG

	185	195	205	215	225	235
Tte-A-52	GCGAG-GAGT	TAGGGGCAAC	GCCATGTGTG	ACACCCAGGC	AAACTGCCAT	CAACCGAAGC
Tte-B-2	GTGCGCGTGC	GGGATGCCAT	GCAATCTCCA	TTATTTCATAA	CGACTCTCGG	CAACGGATAT
Sibela-B-4	GCGAG-GAGT	TAGGGGCAAC	GCCATGTGTG	ACACCCAGGC	AAACTGCCCT	CAACCGAAGC
Sibela-E-5	GCGAG-GAGT	TAGGGGCAAC	GCCATGTGTG	ACACCCAGGC	AAACTGCCCT	CAACCGAAGC
NCBI	GTGCGCGTGC	GGGATGCCAT	GCAATCTCCA	TTATTTCATAA	CGACTCTCGG	CAACGGATAT
Out_group-	GTGCGTGTGT	GGGACGTCAC	GCGATCTCCA	TTATTTCACAA	CGACTCTCGG	CAACGGATAT
Out_group-	GTGTGTGTGT	GGGATGCCAC	GCGATCTCCA	TTATTTCACAA	CGACTCTCGG	CAACGGATAT

	245	255	265	275	285	295
Tte-A-52	TTCTGGGCGCA	ACTTCGTTCA	AAGACTCGAT	GGTTCACGGG	ATTCTGCAAT	TCACACCAAG
Tte-B-2	CTCGGCTCTC	GCATCGATGA	AGAACGTAGC	GAACTGCGAT	ACTTGGTGTG	AATTGCAGAA
Sibela-B-4	TTCTGGGCGCA	ACTTCGTTCA	AAGACTCGAT	GGTTCACGGG	ATTCTGCAAT	TCACACCAAG
Sibela-E-5	TTCTGGGCGCA	ACTTCGTTCA	AAGACTCGAT	GGTTCACGGG	ATTCTGCAAT	TCACACCAAG
NCBI	CTCGGCTCTC	GCATCGATGA	AGAACGTAGC	GAACTGCGAT	ACTTGGTGTG	AATTGCAGAA

Out_group-	CTCGGCTCTC	GCATCGATGA	AGAACGTAGC	GAACGTGCGAT	ACTTGGTGTG	AATTGCAGAA
Out_group-	CTCGGCTCTC	GCATCGATGA	AGAACGTAGC	GAACGTGCGAT	ACTTGGTGTG	AATTGCAGAA

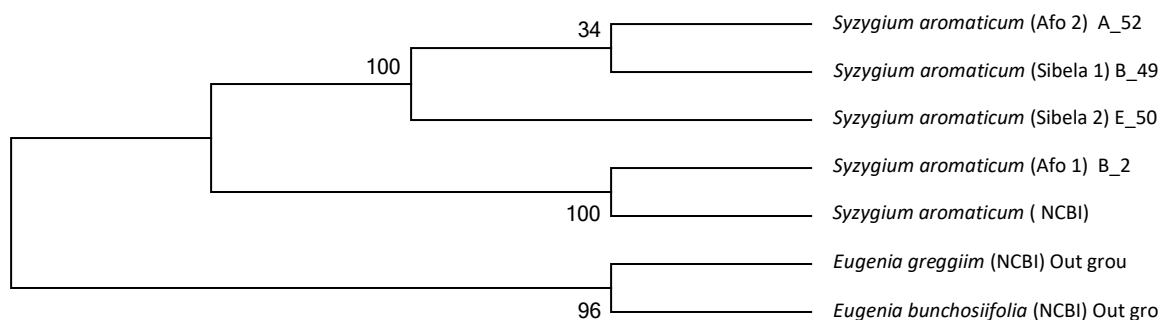
	305	315	325	335	345	355
Tte-A-52	TATCGCAGTT	CGCTACGTTT	TTCATCGATG	CGAGAGCCGA	GATATCCGTT	GCCGAGAGTC
Tte-B-2	TCCCGTGAAC	CATCGAGTCT	TTGAACGCAA	GTTGCGCCCG	AAGC--TTCG	GTTGAGGGCA
Sibela-B-4	TATCGCAGTT	CGCTACGTTT	TTCATCGATG	CGAGAGCCGA	GATATCCGTT	GCCGAGAGTC
Sibela-E-5	TATCGCAGTT	CGCTACGTTT	TTCATCGATG	CGAGAGCCGA	GATATCCGTT	GCCGAGAGTC
NCBI	TCCCGTGAAC	CATCGAGTCT	TTGAACGCAA	GTTGCGCCCG	AAGC--TTCG	GTTGAGGGCA
Out_group-	TCCCGTGAAC	CATCGAGTCT	TTGAACGCAA	GTTGCGCCCG	AATCCATTTG	GACGAGGGCA
Out_group-	TCCCGTGAAC	CATCGAGTCT	TTGAACGCAA	GTTGCGCCCG	AATCCTTTTG	GACGAGGGCA

	365	375	385	395	405	415
Tte-A-52	GTTATGAATA	GGGAGATTGC	ATGGCATCCC	GCACGGCACT	ATGTCTGGGA	CGGCGGGAGC
Tte-B-2	CGTTTGCCTG	GGTGTACAC	ATGGCGTTGC	CCCTAATCC	TCGCCTTGAA	TTGGGCGGGC
Sibela-B-4	GTTATGAATA	GGGAGATTGC	ATGGCATCCC	GCACGGCACT	ATGTCTGGGA	CGGCGGGAGC
Sibela-E-5	GTTATGAATA	GGGAGATTGC	ATGGCATCCC	GCACGGCACT	ATGTCTGGGA	CGGCGGGAGC
NCBI	CGTTTGCCTG	GGTGTACAC	ATGGCGTTGC	CCCTAATCC	TCGCCTTGAA	TTGGGCGGGC
Out_group-	CGTTTGCCTG	GGTGTACAC	ACGGCGTTGC	CCCTAATCC	TCGCCTTGAA	TTGGGCGGGT
Out_group-	CGTTTGCCTG	GGTGTACAC	ATGGCGTTGC	CCCTAATCC	TCGCCTTGAA	TTGGGCGGGT

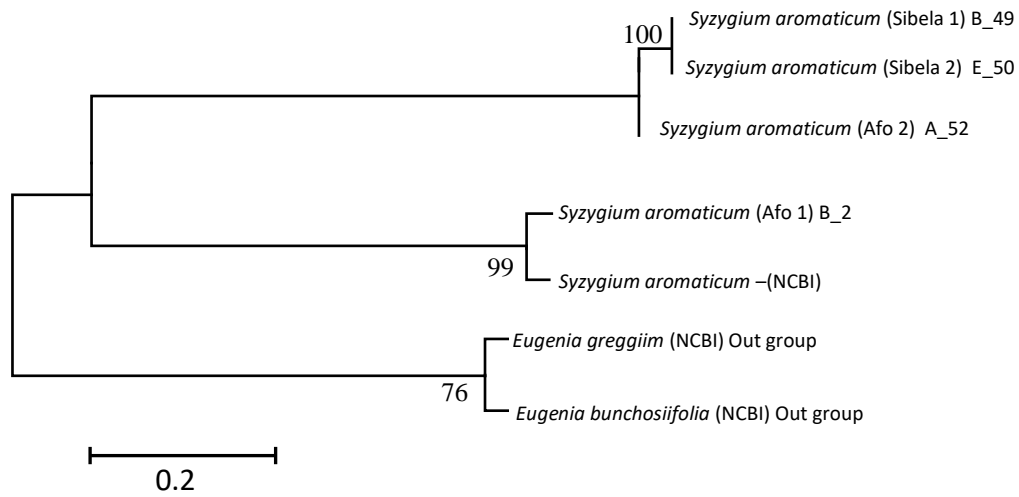
	425	435	445	455	465	475
Tte-A-52	ATCGCTCTCT	TGTTAAAGTT	CGCATTCCGC	GCCGGGGTT-	CGTTGTGCCG	CCGAGAAAAA
Tte-B-2	GGGACTTGGG	TGCGTACGTT	GGCCTCCCGA	GATGACCTTA	TCCCGGTTGG	CCCAAATCG
Sibela-B-4	ATCGCTCTCT	TGTTAAAGTT	CGCATTCCGC	GCCGGGGTT-	CGTTGTGCCG	CCGAGAAAAA
Sibela-E-5	ATCGCTCTCT	TGTTAAAGTT	CGCATTCCGC	GCCGGGGTT-	CGTTGTGCCG	CCGAGAAAAA
NCBI	GGGACTTGGG	TGCGTACGTT	GGCCTCCCGA	GATGACCTTA	TCCCGGTTGG	CCCAAATCG
Out_group-	GGGACTTGGG	TGCGTACGTT	GGCCTCCCGA	GATGACCTTA	TCCCGGTTGG	CCCAAATCG
Out_group-	AGAGT-CGGG	TGCGTATGTT	GGCCTCCCGC	GACGACTTCG	TCCCGGTTGG	CCGAAAATTG

	485	495	505	515	525	535
Tte-A-52	GCCCGAGCGC	CCGTAGGCAC	CGTGCCATCC	AAGCGTCTAG	AGACGTTGGG	CGAGGCCAC
Tte-B-2	AGCGTTGGAG	CGATTAGCAC	CACGACATTC	GGTGGTTGAT	GAGACCCCAA	TGATCAATGT
Sibela-B-4	GCCCGAGCGC	CCGTAGGCAC	CGTGCCATCC	AAGCGTCTAG	AGACGTTGGG	CGAGGCCAC
Sibela-E-5	GCCCGAGCGC	CCGTAGGCAC	CGTGCCATCC	AAGCGTCTAG	AGACGTTGGG	CGAGGCCAC
NCBI	AGCGTTGGAG	CGATTAGCAC	CACGACATTC	GGTGGTTGAT	GAGACCCCAA	TGATCAATGT
Out_group-	AGCGTTGGAG	CGTTTAGCAC	CACGATATTC	GGTGGTTGAC	GAGACCCCAA	TGATCAATGT
Out_group-	AGCGTTGGAG	CGATTAGCAC	CACGACATTC	GGTGGTTGTT	GAGACCCCAA	GGATCAATGT
	
	545	555	565	575	585	
Tte-A-52	CGTCCCCATT	GAGTTTGTTA	CCGTTTCTCT	GGTCATTCTG	CTAGGC	
Tte-B-2	CGTGCGTGTC	GCTCATGCAC	ACGCTCCACG	AATCTACCTA	TCACCA	
Sibela-B-4	CGTCCCCATT	GAGTTTGTTA	CCGTTTCTCT	GGTCATTCTG	CTAGGC	
Sibela-E-5	CGTCCCCATT	GAGTTTGTTA	CCGTTTCTCT	GGTCATTCTG	CTAGGC	
NCBI	CGTGCGTGTC	GCTCATGCAC	ACGCTCCACG	AATCTACCTA	TCACCA	
Out_group-	CGTGCGCGTC	GCTCGTGGAA	GCGCTCCGCG	AATCTACTCT	TTACCA	
Out_group-	CGTGCGCGTC	NCCCGTGGAG	GCGCTCCATG	AATCTACTCT	TTACCA	

Analisis hubungan genetik varietas lokal cengkeh berdasarkan sekuens ITS menggunakan algoritma Maximum parsimony (MP) dan Neighbour-Joining (NJ) menghasilkan pohon yang menegaskan kelompok monofiletik cengkeh (*S. aromaticum*) dan dipisahkan menjadi spesies *Eugenia*. Kedua pohon filogenetik tersebut menghasilkan tiga klad dengan pola yang sama, dan didukung oleh nilai bootstrap yang kuat sebesar 99-100%. Klade 1 terdiri dari *Eugenia greggii* dan *Eugenia bunchosiifolia*, sedangkan Klade 2 terdiri dari cengkeh dari India (NCBI) dan varietas lokal Afo 1 dari Ternate. Menariknya, cengkeh Afo 2 diposisikan pada Clade 3 terpisah dengan Afo 1, dan menjadi saudara dengan cengkeh Sibela 1 dan Sibela 2 dari Pulau Bacan (Gambar 4; Gambar 5). Analisis jarak berpasangan menggunakan model parameter Kimura-2 (Kimura 1980) menunjukkan bahwa mereka memiliki kesamaan materi genetik ITS yang tinggi dengan jarak genetik yang rendah antara 0,008 hingga 0,357 antara ingroup dan outgroup, sedangkan dalam ingroup 0,051 hingga 0,343 (Tabel 2). Jarak genetik digunakan untuk mengukur perbedaan struktur genetik antara dua populasi/spesies pada lokus gen tertentu. Nilai minimum 0 terjadi jika struktur genetik dua populasi/spesies identik, sedangkan nilai maksimum 1 menunjukkan bahwa mereka tidak memiliki tipe genetik apa pun (Finkeldey 2005).



Pohon filogenetik Maximum Parsimony (MP) varietas lokal cengkeh Maluku Utara berdasarkan sekuen ITS. Nilai pada cabang mewakili nilai bootstrap dan probabilitas posterior berdasarkan 1000 ulangan



Pohon filogenetik Neighbor-Joining (NJ) varietas lokal cengkeh Maluku Utara berdasarkan sekuen ITS. Nilai pada cabang mewakili nilai bootstrap dan probabilitas posterior berdasarkan 1000 ulangan