



**ANALISIS FILOGENETIK GEN *atpA* PADA GENUS *Oryza* MENGGUNAKAN PERANGKAT LUNAK MEGA DENGAN PENDEKATAN *NEIGHBOR-JOINING***

<sup>1\*</sup>Zacki Rafila, <sup>2</sup>Violita, <sup>3</sup>Afifatul Achyar

<sup>1,2,3</sup>Universitas Negeri Padang, Indonesia

\*Corresponding author E-mail: [zackirafila03@gmail.com](mailto:zackirafila03@gmail.com)

---

DOI : <https://doi.org/10.30605/1ptac474>

Accepted : 7 April 2026    Approved : 8 Mei 2026    Published : 9 Mei 2026

**Abstract**

This study aims to analyze the phylogenetic relationship of the *atpA* gene in the genus *Oryza* using Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software. The *atpA* gene, which plays a role in ATP synthesis in chloroplasts, was selected because of its relatively conserved nature and relevance in plant molecular evolution studies. The *atpA* gene sequences from 13 *Oryza* species were obtained from the NCBI GenBank database and analyzed using the *Neighbor-Joining* (NJ) method with the Kimura 2-Parameter model to reconstruct the phylogenetic tree. The reliability of the tree branches was tested through a bootstrap analysis of 10,000 repetitions. The results showed a pattern of kinship consistent with existing taxonomic classifications, in which *Oryza sativa* tended to form a single clade with *Oryza rufipogon* as its closest ancestor, while wild species such as *Oryza punctata* and *Oryza officinalis* formed a separate and more divergent clade. The relatively high bootstrap values at several branches indicate the reliability of the phylogenetic inferences generated. These findings reinforce the hypothesis that rice domestication involved wild species genetically close to cultivated species and suggest that the *atpA* gene has the potential to be used as an effective molecular marker in phylogenetic studies of the genus *Oryza*.

**Keywords :** *atpA*; phylogenetics; MEGA; *Oryza*; chloroplast.

## PENDAHULUAN

Padi (*Oryza sativa* L.) merupakan tanaman pangan utama bagi lebih dari setengah populasi dunia dan berperan strategis dalam menjaga ketahanan pangan global. Secara taksonomi, genus *Oryza* mencakup dua spesies padi budidaya, yaitu padi Asia (*Oryza sativa*) dan padi Afrika (*Oryza glaberrima*), serta sekitar 20 spesies padi liar yang masih bertahan hingga saat ini dan tersebar di berbagai wilayah tropis dan subtropis (Long et al., 2024). Keberadaan spesies liar tersebut berkontribusi terhadap tingginya keragaman genetik dalam genus *Oryza*, hal ini penting bagi upaya konservasi plasma nutfah serta pengembangan varietas unggul melalui pemuliaan tanaman berbasis pendekatan molekuler (Rod et al., 2018). Salah satu pendekatan umum yang digunakan untuk mengeksplorasi hubungan kekerabatan evolusioner antarspesies dalam genus *Oryza* adalah analisis filogenetik berbasis gen tertentu, seperti gen *atpA*.

Gen *atpA* merupakan bagian dari genom kloroplas yang mengkode subunit alfa dari ATP sintase (CF1), suatu kompleks protein yang berperan penting dalam proses fotosintesis dan produksi energi pada tumbuhan. Gen ini bersifat relatif konservatif karena fungsi biologisnya yang vital, namun masih memiliki tingkat variasi sekuen yang memadai untuk merefleksikan perbedaan evolusioner antarspesies. Variasi tersebut umumnya terakumulasi secara gradual dan stabil, sehingga informatif untuk inferensi hubungan kekerabatan pada tingkat antarspesies maupun antarkelompok taksonomi yang berkerabat dekat. Karakteristik tersebut menjadikan gen *atpA* sebagai salah satu penanda molekuler yang digunakan dalam studi filogenetik tumbuhan dan analisis evolusi genom kloroplas (Daniell et al., 2016).

Analisis filogenetik memungkinkan pemahaman pola hubungan evolusioner antarorganisme berdasarkan kesamaan dan perbedaan sekuen DNA, RNA, maupun protein (Tallei, 2025). Dengan memanfaatkan perangkat lunak bioinformatika seperti MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*), analisis ini dapat dilakukan secara sistematis menggunakan berbagai metode rekonstruksi pohon, seperti *Neighbor-Joining* (NJ), *Maximum Likelihood* (ML), dan *Maximum Parsimony* (MP) (Stecher et al., 2020). MEGA

merupakan salah satu perangkat lunak yang banyak digunakan dalam studi filogenetik karena menyediakan antarmuka yang mudah digunakan serta berbagai model evolusi molekuler yang fleksibel (Kumar et al., 2018). Dalam konteks genus *Oryza*, analisis filogenetik dapat membantu menjelaskan proses domestikasi, hubungan antarspesies, serta arah evolusi genetik yang terjadi (Rod et al., 2018).

Berbagai penelitian filogenetik pada genus *Oryza* sebelumnya telah dilakukan menggunakan berbagai penanda molekuler, seperti gen kloroplas (*rbcL*, *matK*), gen nuklir (ITS), dan gen kloroplas lainnya (Choi et al., 2017). Namun, kajian secara spesifik memanfaatkan gen *atpA* sebagai sumber data filogenetik masih terbatas. Padahal, analisis terhadap gen *atpA* dapat memberikan perspektif tambahan mengenai evolusi kloroplas dalam spesies padi, serta melengkapi informasi dari data kloroplas dan inti sel (Augusto et al., 2025). Dengan demikian, kajian ini memiliki urgensi ilmiah dalam memperluas basis data molekuler untuk genus *Oryza*, serta kontribusi praktis dalam konservasi genetik dan pemuliaan tanaman (Fadhilah & Achyar, 2023; Hasanah & Achyar, 2023).

Isu penting dalam pemuliaan padi modern adalah terbatasnya keragaman genetik dalam varietas budidaya akibat proses domestikasi dan seleksi intensif (Long et al., 2024). Oleh karena itu, eksplorasi terhadap spesies liar *Oryza* sebagai sumber sifat unggul, seperti ketahanan terhadap hama, toleransi cekaman abiotik, dan efisiensi pemanfaatan nutrisi, menjadi sangat penting (Bierschenk et al., 2020; Zheng, 2024). Namun, pemanfaatan spesies liar ini memerlukan pemahaman yang kuat terhadap hubungan filogenetiknya dengan spesies budidaya. Jika spesies liar memiliki hubungan kekerabatan yang dekat, maka kemungkinan keberhasilan introgresi sifat-sifat unggul menjadi lebih tinggi, terutama karena proses introgression telah terbukti menghasilkan variasi genetik yang bermanfaat untuk breeding modern (Zhang et al., 2022). Dalam konteks ini, peran penting studi filogenetik berbasis gen seperti *atpA* adalah untuk mengidentifikasi kedekatan evolusioner antarspesies dan memandu strategi pemuliaan dengan pendekatan berbasis genomik (Kumar et al., 2024).

Penelitian ini bertujuan untuk merekonstruksi dan menganalisis hubungan filogenetik antarspesies dalam genus *Oryza* berdasarkan sekuens gen kloroplas *atpA*. Analisis dilakukan pada spesies budidaya dan spesies liar guna mengevaluasi pola kekerabatan evolusioner serta posisi relatif spesies domestikasi terhadap kerabat liarnya. Data sekuen gen *atpA* diperoleh dari basis data GenBank NCBI dan dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA versi 11 (Benson et al., 2018) dengan metode *Neighbor-Joining* (NJ) menggunakan model Kimura 2-Parameter, metode ini mampu menghasilkan representasi yang cukup baik terhadap data evolusioner dengan kompleksitas komputasi yang rendah (Nishimaki & Sato, 2019). Selain itu, dilakukan analisis bootstrap untuk menguji keandalan setiap cabang pada pohon filogenetik yang dibangun. Percabangan dengan nilai bootstrap tinggi menunjukkan hubungan kekerabatan yang lebih stabil dan dapat diandalkan, sedangkan nilai bootstrap rendah mengindikasikan ketidakpastian hubungan evolusioner antar takson (Lemoine & Gascuel, 2024).

Hasil analisis filogenetik dalam penelitian ini diharapkan mampu mengungkapkan pola hubungan kekerabatan evolusioner antarspesies dalam genus *Oryza*, mengidentifikasi klad-klad utama berbasis kesamaan sekuens gen kloroplas, serta

menjelaskan posisi evolusioner spesies liar relatif terhadap spesies budidaya. Informasi ini diharapkan dapat memperkuat pemahaman mengenai variasi genetik dan dinamika evolusi dalam genus *Oryza*, khususnya yang berkaitan dengan sejarah domestikasi padi. Selain itu, hasil penelitian ini berpotensi menjadi dasar ilmiah dalam pengelompokan filogenetik spesies serta mendukung perencanaan konservasi dan pemanfaatan sumber daya genetik *Oryza* dalam program pemuliaan tanaman.

## METODE

Penelitian ini merupakan studi deskriptif eksploratif berbasis bioinformatika yang bertujuan untuk menganalisis hubungan filogenetik gen *atpA* pada berbagai spesies *Oryza* menggunakan perangkat lunak MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*). Proses penelitian ini dilakukan secara *in silico* dengan tahapan sebagai berikut.

### 1. Pengumpulan Data Sekuens Gen *atpA*

Data sekuens gen *atpA* dari berbagai spesies dalam genus *Oryza* diperoleh dari basis data publik *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) GenBank (Benson et al., 2018). Pemilihan sekuen dilakukan berdasarkan kelengkapan data, kejelasan anotasi, dan representasi spesies budidaya maupun liar. Setiap sekuen disimpan dalam format FASTA untuk dianalisis lebih lanjut.

Tabel 1. Daftar Spesies *Oryza* yang digunakan dalam penelitian

Nama Spesies	Accession Number	Country	Panjang Sekuen (bp)
<i>Oryza sativa Japonica</i>	NC_001320	USA	744 bp
<i>Oryza sativa Indica</i>	OP729774	South Korea	1.527 bp
<i>Oryza malampuzhaensis</i>	NC_053278	China	1.527 bp
<i>Oryza schlechteri</i>	NC_053277	USA	1.527 bp
<i>Oryza coarctata</i>	NC_036934	USA	1.527 bp
<i>Oryza neocaledonica</i>	NC_053276	China	1.527 bp
<i>Oryza meyeriana</i>	NC_034765	China	1.527 bp
<i>Oryza grandiglumis</i>	NC_034761	China	1.527 bp
<i>Oryza eichingeri</i>	NC_034759	China	1.527 bp
<i>Oryza rhizomatis</i>	NC_034758	USA	1.527 bp
<i>Oryza ridleyi</i>	NC_034764	China	1.527 bp
<i>Oryza longiglumis</i>	NC_034763	China	1.527 bp
<i>Oryza latifolia</i>	NC_034762	China	1.527 bp

### 2. Penyelarasan Sekuens (*Multiple Sequence Alignment*)

Tahap awal analisis melibatkan penyelarasan semua sekuen gen *atpA* menggunakan algoritma ClustalW yang terintegrasi dalam perangkat lunak MEGA versi 11 (Tamura et al., 2021). Proses alignment ini penting untuk memastikan bahwa posisi basa nukleotida pada semua spesies sejajar dan

dapat dibandingkan secara homolog. Parameter alignment digunakan secara default, dan hasil alignment diperiksa untuk menghindari kesalahan trimming atau gap yang tidak konsisten.



**Gambar 1.** Hasil Penyelarasan Sekuens Gen *atpA* dari Genus *Oryza* dengan ClustalW

### 3. Rekonstruksi Pohon Filogenetik

Pohon filogenetik dibangun menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) yang dikenal efektif dalam analisis evolusi molekuler. Model evolusi nukleotida yang digunakan adalah Kimura 2-Parameter (K2P), yang mengasumsikan adanya perbedaan antara transisi dan transversi dalam mutasi. Model ini dipilih karena cocok untuk data sekuen gen yang konservatif seperti *atpA* (Nishimaki & Sato, 2019).

### 4. Analisis Bootstrap

Dalam menguji kestabilan dan keandalan cabang-cabang pada pohon filogenetik, dilakukan analisis bootstrap sebanyak 10.000 kali replikasi. Nilai bootstrap digunakan sebagai indikator tingkat kepercayaan terhadap tiap percabangan filogenetik, di mana nilai  $\geq 70\%$  secara umum dianggap sebagai ambang dukungan kuat terhadap suatu clade dalam studi filogenetik modern (Lemoine & Gascuel, 2024).

### 5. Interpretasi dan Visualisasi

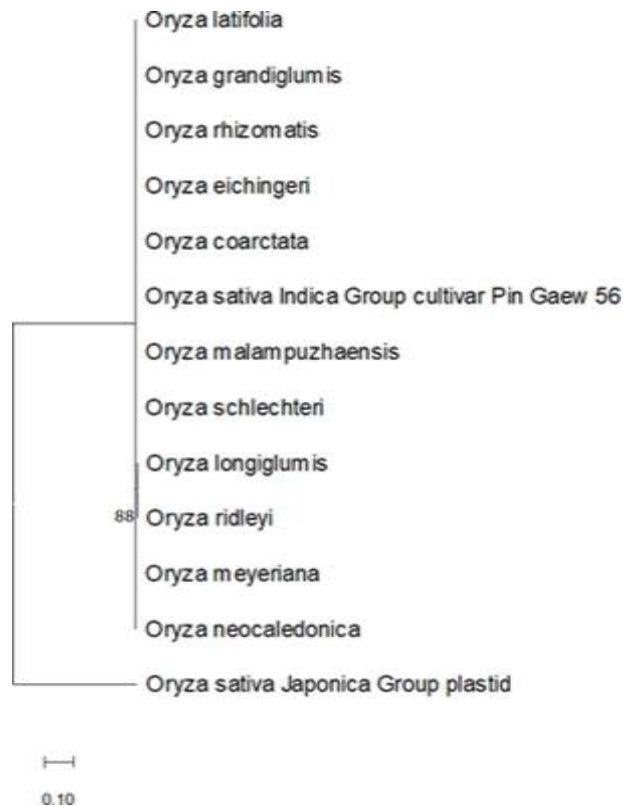
Pohon filogenetik yang telah dibentuk divisualisasikan secara grafis dan diekspor dalam format *.nwk* dan *.png*. Interpretasi dilakukan dengan membandingkan pola percabangan antarspesies, mengidentifikasi klad-klad utama, serta menentukan hubungan terdekat antara spesies budidaya dan spesies liar. Hasil interpretasi ini juga dikaitkan dengan informasi mengenai sejarah evolusi genus *Oryza* berdasarkan pola pengelompokan filogenetik yang terbentuk.

### 6. Perangkat Lunak dan Tools

Beberapa perangkat bioinformatika digunakan dalam penelitian ini untuk mendukung proses analisis, antara lain MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) versi 11 yang dimanfaatkan untuk penyelarasan sekuen, analisis filogenetik, serta visualisasi pohon filogenetik. NCBI GenBank digunakan sebagai sumber utama dalam memperoleh data sekuen DNA yang dianalisis. Selain itu, perangkat lunak Notepad++ dan BioEdit digunakan untuk melakukan penyuntingan manual terhadap format sekuen FASTA apabila diperlukan, guna memastikan kesesuaian data sebelum tahap analisis lanjutan.

## HASIL PENELITIAN

Hasil analisis terhadap 13 sekuen gen *atpA* dari berbagai spesies *Oryza* menunjukkan struktur pohon filogenetik yang terbentuk melalui metode *Neighbor-Joining* (NJ). Pohon ini menggambarkan hubungan kekerabatan antarspesies berdasarkan tingkat perbedaan nukleotida. Analisis dilakukan dengan mempertimbangkan 1.527 posisi nukleotida yang mencakup posisi kodon 1, 2, 3, serta daerah non-coding.



Gambar 2. Pohon filogenetik (*original tree*) genus *Oryza* berdasarkan sekuens gen *atpA*

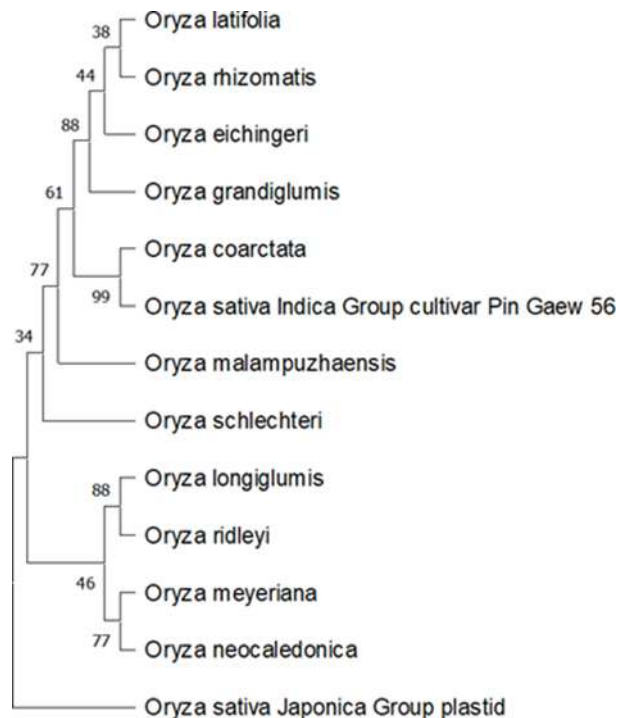
Pohon filogenetik yang direkonstruksikan menggunakan metode *Neighbor-Joining* berdasarkan sekuens gen *atpA* menunjukkan adanya pola pengelompokan antarspesies dalam genus *Oryza* yang merefleksikan hubungan kekerabatan evolusioner. Dalam pohon ini, *Oryza sativa* Japonica group terpisah pada cabang yang berbeda dengan jarak evolusi yang cukup panjang, seperti yang ditunjukkan oleh skala 0,10 substitusi per situs. Pemisahan ini menandakan adanya divergensi genetik yang signifikan akibat proses domestikasi dan seleksi buatan yang berlangsung selama waktu yang lama. Analisis menunjukkan bahwa subspecies *Oryza sativa* Indica group dan *Oryza sativa* Japonica group membentuk klad yang terpisah dan memperlihatkan perbedaan genetik yang jelas pada level ekspresi maupun kloroplas, yang mengindikasikan divergensi akibat domestikasi (Zheng et al., 2018).

Di sisi lain, *Oryza sativa* Indica group terletak lebih dekat dengan beberapa spesies liar, yang menunjukkan bahwa group Indica masih mempertahankan sebagian karakter genetik nenek moyangnya yang terdeteksi pada gen kloroplas *atpA*, hal ini sejalan dengan kajian domestikasi padi yang menunjukkan kedekatan genetik antar varietas Indica dan

kerabat liarnya (Cheng et al., 2019; Choi et al., 2017). Selain itu, beberapa spesies liar seperti *Oryza longiglumis* dan *Oryza ridleyi* membentuk satu kelompok yang didukung oleh nilai bootstrap sebesar 88, yang menunjukkan tingkat kepercayaan yang cukup tinggi terhadap hubungan kekerabatan di antara spesies tersebut. Nilai bootstrap yang tinggi menunjukkan bahwa struktur pohon filogenetik tetap stabil meskipun gen *atpA* relatif bersifat konservatif (Kumar et al., 2017; Kumar et al., 2018).

Terdapat beberapa percabangan dengan dukungan yang lebih rendah dalam pohon asli menunjukkan adanya keterbatasan dalam resolusi filogenetik ketika analisis hanya mengandalkan satu gen saja (Edwards et al., 2016; Fauziah et al., 2024). Gen *atpA* yang merupakan bagian dari genom kloroplas memiliki laju evolusi yang relatif lambat, sehingga jumlah situs informatif menjadi terbatas, terutama dalam membedakan spesies dengan tingkat divergensi evolusioner yang cukup dekat (Daniell et al., 2016). Oleh karena itu, pohon filogenetik yang dihasilkan dalam penelitian ini lebih tepat dipahami sebagai representasi awal dari hubungan evolusioner dalam genus *Oryza*, yang masih perlu diperkuat melalui analisis konsensus bootstrap serta

penggunaan penanda multilokus untuk memperoleh struktur filogenetik yang lebih kokoh dan dapat diandalkan.



Gambar 3. Pohon filogenetik (*bootstrap consensus tree*) genus *Oryza* berdasarkan sekuens gen *atpA*

Pohon filogenetik (Gambar 3) menunjukkan pola pengelompokan yang relatif konsisten dalam merepresentasikan hubungan kekerabatan evolusioner antarspesies dalam genus *Oryza* (Augusta et al., 2018). Konsensus bootstrap digunakan untuk mengevaluasi kestabilan topologi pohon sehingga hanya percabangan yang didukung secara berulang oleh data yang dipertahankan dan interpretasi hubungan filogenetik menjadi lebih dapat diandalkan (Edwards et al., 2016; S. Kumar et al., 2018). Analisis menunjukkan bahwa beberapa spesies liar, seperti *Oryza longiglumis* dan *Oryza ridleyi*, membentuk satu klad dengan dukungan nilai bootstrap tinggi sebesar 88, yang mengindikasikan stabilitas hubungan kekerabatan yang kuat berdasarkan data sekuens *atpA*. Pola pengelompokan ini sejalan dengan berbagai studi genetik dan genomik pada genus *Oryza* yang menunjukkan bahwa spesies atau genotipe dengan hubungan evolusioner yang dekat cenderung membentuk kelompok genetik yang konsisten dan stabil dalam analisis filogenetik maupun struktur populasi (Stein et al., 2018; Zheng et al., 2018).

Kelompok lain seperti klad *O. meyeriana* dan *O. neocaledonica* menunjukkan nilai bootstrap menengah sebesar 77, yang mencerminkan adanya kedekatan evolusioner meskipun tidak sekuat klad sebelumnya. Nilai bootstrap menengah ini menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antarspesies masih terdeteksi, namun dengan tingkat resolusi yang lebih terbatas. Kondisi ini dapat mencerminkan keterbatasan penggunaan satu gen yang bersifat sangat konservatif dalam membedakan spesies atau genotipe dengan divergensi genetik yang relatif dekat. Sebaliknya, studi keragaman genetik padi di Indonesia menggunakan beberapa penanda molekuler seperti SSR menunjukkan bahwa kombinasi marker memberikan resolusi yang jauh lebih tinggi dalam mengelompokkan garis genetik (Burman et al., 2023; Sasmita et al., 2022).

Beberapa percabangan pada pohon filogenetik, khususnya pengelompokan *O. latifolia*, *O. rhizomatis*, dan *O. eichingeri*, menunjukkan nilai bootstrap rendah hingga menengah yaitu sebesar 38-44, yang mengindikasikan ketidakstabilan topologi. Hal

ini menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antarspesies pada klad tersebut belum dapat dijelaskan secara kuat. Kondisi tersebut diduga berkaitan dengan keterbatasan jumlah situs informatif pada gen *atpA* yang bersifat konservatif, sehingga resolusi filogenetik yang dihasilkan relatif terbatas.

Di sisi lain, *Oryza sativa* group Indica menunjukkan kedekatan dengan beberapa spesies liar dengan nilai bootstrap yang sangat tinggi sebesar 99. Tingginya nilai bootstrap tersebut menunjukkan hubungan kekerabatan yang stabil dan mendukung dugaan bahwa kelompok Indica masih mempertahankan sebagian karakter genetik leluhur dalam genus *Oryza*. Temuan ini mendukung hipotesis bahwa proses domestikasi padi melibatkan interaksi yang kompleks dengan spesies liar, termasuk kemungkinan terjadinya intrograsi genetik berulang selama evolusinya (Civá & Brown, 2018). Sebaliknya, *Oryza sativa* group Japonica pada plastid berada pada cabang yang relatif terpisah dari kelompok lain, yang mencerminkan tingkat divergensi genetik yang lebih besar. Pola ini dapat dijelaskan oleh sejarah domestikasi Japonica yang lebih terisolasi serta adanya efek bottleneck pada genom kloroplas selama proses domestikasi dan penyebarannya, sebagaimana tercermin dalam perbedaan struktur genom kloroplas antara Japonica dan Indica (Cheng et al., 2019).

Secara keseluruhan, analisis filogenetik berbasis gen kloroplas *atpA* mampu menggambarkan pola hubungan kekerabatan utama dalam genus *Oryza*, termasuk pemisahan yang jelas antara kelompok domestikasi serta kedekatan evolusioner antar beberapa spesies liar dan kelompok Indica. Namun, variasi nilai bootstrap pada sejumlah percabangan menunjukkan bahwa penggunaan satu gen kloroplas yang bersifat konservatif masih memiliki keterbatasan dalam memberikan resolusi filogenetik yang tinggi, khususnya pada spesies dengan divergensi genetik yang dekat. Oleh karena itu, hasil penelitian ini dapat dipandang sebagai gambaran awal hubungan evolusioner dalam genus *Oryza* yang perlu diperkuat melalui penggunaan penanda multilokus atau pendekatan genomik untuk memperoleh rekonstruksi filogenetik yang lebih komprehensif dan stabil.

## SIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini berhasil merekonstruksi hubungan filogenetik antarspesies dalam genus *Oryza* berdasarkan sekuens gen kloroplas *atpA* menggunakan metode *Neighbor-Joining*, sehingga tujuan penelitian dapat tercapai dengan baik. Pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan pola kekerabatan evolusioner yang relatif konsisten, terutama pada klad dengan nilai bootstrap tinggi, yang menegaskan bahwa gen *atpA* memiliki potensi sebagai penanda molekuler untuk memberikan gambaran awal hubungan evolusioner dalam genus *Oryza*. Perbedaan pola pengelompokan antara spesies liar dan spesies budidaya mencerminkan pengaruh dari domestikasi dan seleksi buatan terhadap divergensi genetik pada genom kloroplas.

Kedekatan filogenetik *Oryza sativa* group Indica dengan beberapa spesies liar mengindikasikan masih terpeliharanya sebagian karakter genetik leluhur, yang mendukung hipotesis domestikasi padi yang bersifat kompleks dan melibatkan kemungkinan intrograsi genetik. Sebaliknya, posisi *O. sativa* group Japonica yang relatif terpisah menunjukkan tingkat divergensi genetik yang lebih tinggi, yang berkaitan dengan proses domestikasi yang lebih terisolasi serta efek bottleneck genetik pada genom kloroplas. Secara keseluruhan, hasil penelitian ini berkontribusi dalam meningkatkan pemahaman mengenai evolusi genom kloroplas padi dan dapat menjadi dasar ilmiah bagi upaya konservasi sumber daya genetik *Oryza* serta pengembangan penelitian lanjutan menggunakan penanda molekuler yang lebih komprehensif.

Berdasarkan hasil penelitian ini, direkomendasikan agar penelitian selanjutnya mengintegrasikan penggunaan berbagai penanda molekuler, baik yang berasal dari genom kloroplas maupun genom inti, untuk meningkatkan resolusi serta keakuratan dalam rekonstruksi hubungan filogenetik pada genus *Oryza*. Selain itu, penerapan metode analisis filogenetik berbasis pendekatan lain seperti *Maximum Likelihood* (ML) dan *Bayesian Inference* (BI) perlu dilakukan sebagai bentuk validasi silang guna memperkuat reliabilitas topologi pohon yang dihasilkan. Perluasan jumlah serta keragaman aksesi, khususnya dari spesies liar, juga menjadi aspek penting untuk memperoleh gambaran variasi genetik yang lebih representatif dalam menjelaskan dinamika

evolusi, domestikasi, dan kemungkinan terjadinya intrograsi genetik. Lebih lanjut, integrasi data molekuler dengan karakter morfologi, ekologi, dan agronomi sangat dianjurkan guna mendukung pengelolaan plasma nutfah secara berkelanjutan serta pengembangan varietas padi unggul berbasis sumber daya genetik yang tersedia.

#### DAFTAR RUJUKAN

- Augusta, C., Russo, D. M., & Selvatti, A. P. (2018). Bootstrap and Rogue Identification Tests for Phylogenetic Analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 35(9), 2327–2333.
- Augusto, L., Santos, C., Sader, M. A., Berg, C. Van Den, Lucia, M., & Vieira, C. (2025). Chloroplast Genomic Insights Into Adaptive Evolution and Rapid Radiation in the Genus *Passiflora* (Passifloraceae). *BMC Plant Biology*, 25(192), 1–19.
- Benson, D. A., Cavanaugh, M., Clark, K., Karsch-Mizrachi, I., Ostell, J., Pruitt, K. D., & Sayers, E. W. (2018). Dennis A. Benson, Mark Cavanaugh, Karen Clark, Ilene Karsch-Mizrachi, James Ostell, Kim D. Pruitt, and Eric W. Sayers. GenBank. *Nucleic Acids Research*, 46(1), 41–47.
- Bierschenk, B., Tagele, M. T., Ali, B., Ashrafuzzaman, M., Wu, B., Becker, M., & Id, M. F. (2020). Evaluation of Rice Wild Relatives as a Source of Traits for Adaptation to Iron Toxicity and Enhanced Grain Quality. *PloS One*, 15(1), 1–17.
- Burman, M., Nair, S. K., Sao, A., & Gauraha, D. (2023). SSR Marker-Based Genetic Diversity and Marker-Trait Association Analysis in Aromatic Rice (*Oryza Sativa*) Landraces. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 93(4), 365–370.
- Cheng, L., Nam, J., Chu, S., Rungnapa, P., Min, M., Cao, Y., Yoo, J., Kang, J., Kim, K., & Park, Y. (2019). Signatures of Differential Selection in the Chloroplast Genome Between Japonica and Indica Rice. *Rice*, 12(65), 1–13.
- Choi, J. Y., Platts, A. E., Fuller, D. Q., Hsing, Y., Purugganan, M. D., & Wing, R. A. (2017). The Rice Paradox: Multiple Origins but Single Domestication in Asian Rice. *Molecular Biology and Evolution*, 34(4), 969–979.
- Civá, P., & Brown, T. A. (2018). Role of Genetic Introgression During the Evolution of Cultivated Rice (*Oryza Sativa* L.). *BMC Evolutionary Biology*, 14(1), 1–11.
- Daniell, H., Lin, C., Yu, M., & Chang, W. (2016). Chloroplast Genomes: Diversity, Evolution, and Applications in Genetic Engineering. *Genome Biology*, 1–29.
- Edwards, S. V., Xi, Z., Janke, A., Faircloth, B. C., McCormack, J. E., Glenn, T. C., Zhong, B., Wu, S., Moriarty, E., Lemmon, A. R., Leaché, A. D., Liu, L., & Davis, C. C. (2016). Molecular Phylogenetics and Evolution: Implementing and Testing the Multispecies Coalescent Model: A Valuable Paradigm for Phylogenomics Q. *Molecular Phylogenetics And Evolution*, 94(1), 447–462.
- Fadhilah, H., & Achyar, A. (2023). Original Research Analysis of the Genetic Variation of the Ndhf Gene Sequence in *Antrophyum* Sp. NCBI popset 2496377569 using in silico RFLP. *Tropical Genetics*, 3(2), 39–45.
- Fauziah, Q. N. U. R., Purwanto, E. D. I., & Rahayu, M. (2024). Phylogenetic Relationship of Local Rice from Central Java, Indonesia, with Pokkali Variety Based on Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Markers. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 25(10), 3965–3973.
- Hasanah, N., & Achyar, A. (2023). Original Research Analysis of Genetic Variations in the Bhlh Protein (Rc) Gene Sequences in Rice (*Oryza*) NCBI Popset 2496581476 Using in-Silico RFLP. *Tropical Genetics*, 3(2), 60–65.
- Kumar, R., Das, S. P., Choudhury, B. U., Kumar, A., Prakash, N. R., Verma, R., Chakraborti, M., Devi, A. G., Bhattacharjee, B., Das, R., Das, B., Devi, H. L., Das, B., Rawat, S., & Mishra, V. K. (2024). Advances in Genomic Tools for Plant Breeding: Harnessing DNA Molecular Markers, Genomic Selection, and Genome Editing. *Biological Research*, 57(80), 1–23.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms.

- Molecular Biology and Evolution, 35(6), 1547–1549.
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., & Hedges, S. B. (2017). TimeTree : A Resource for Timelines, Timetrees, and Divergence Times. *Molecular Biology and Evolution*, 34(7), 1812–1819.
- Lemoine, F., & Gascuel, O. (2024). The Bayesian Phylogenetic Bootstrap and Its Application to Short Trees and Branches. *Molecular Biology and Evolution*, 41(11), 1–16.
- Long, W., He, Q., Wang, Y., Wang, Y., Wang, J., Yuan, Z., Wang, M., Chen, W., Luo, L., Luo, L., Xu, W., Li, Y., Li, W., Yan, L., Cai, Y., Du, H., & Xie, H. (2024). Genome Evolution and Diversity of Wild and Cultivated Rice Species. *Nature Communications*, 15(1), 94–99.
- Nishimaki, T., & Sato, K. (2019). An Extension of the Kimura Two-Parameter Model to the Natural Evolutionary Process. *Journal of Molecular Evolution*, 87(1), 60–67.
- Rod A. Wing, Michael D. Purugganan, Q. Z. (2018). The Rice Genome Revolution: from an Ancient Grain to Green Super Rice. *Nature Review Genetics*, 19(1), 505–517.
- Sasmita, P., Sastro, Y., Mulya, K., & Utami, D. W. (2022). Diversity and Population Structure of Local Rice Varieties from Indonesia Revealed By SSR Markers. *Hayati Journal of Biosciences*, 29(6), 749–761.
- Stecher, G., Tamura, K., & Kumar, S. (2020). Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA ) for macOS. *Molecular Biology and Evolution*, 37(4), 1237–1239.
- Stein, J. C., Yu, Y., Copetti, D., Zwickl, D. J., Zhang, L., Zhang, C., Chougule, K., Gao, D., Iwata, A., Goicoechea, J. L., Wei, S., Wang, J., Liao, Y., Wang, M., Jacquemin, J., Becker, C., Kudrna, D., Zhang, J., Londono, C. E. M., Wing, R. A. (2018). Genomes of 13 Domesticated and Wild Rice Relatives Highlight Genetic Conservation, Turnover, and Innovation Across the Genus *Oryza*. *Nature Genetics*, 50(2), 285–296.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027.
- Trina Ekawati Tallei, F. & G. A. V. P. (2025). *Bioinformatika: Dasar, Aplikasi, dan Inovasi dalam Analisis Biologis*. Deepublish Digital.
- Wang, W., Mauleon, R., Hu, Z., Chebotarov, D., Tai, S., Wu, Z., ... & Leung, H. (2018). Genomic Variation in 3,010 Diverse Accessions of Asian Cultivated Rice. *Nature*, 557(7703), 43–49.
- Zhang, B., Ma, L., Wu, B., Xing, Y., & Qiu, X. (2022). Introgression Lines: Valuable Resources for Functional Genomics Research and Breeding in Rice (*Oryza sativa* L). *Frontiers in Plant Science*, 13(1), 1–16.
- Zheng, X. (2024). Wild Rice : Unlocking the Future of Rice Breeding. *Plant Biotechnology Journal*, 22(11), 3218–3226.