



**Analisis Pohon Filogenetik Genus *Oryza* Berdasarkan Gen *matK***

Yoana Marizky Siregar<sup>1\*</sup>, Violita Violita<sup>1</sup>, Afifatul Achyar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Padang, Sumatera Barat, Indonesia

\*Corresponding author E-mail: [yoanamarizky91@gmail.com](mailto:yoanamarizky91@gmail.com)

---

DOI : <https://doi.org/10.30605/6myncp72>

Accepted : 13 April 2026    Approved : 26 April 2026    Published : 27 April 2026

**Abstract**

The genus *Oryza* includes both cultivated and wild rice species that play an important role in global food systems and crop improvement. These species also exhibit complex evolutionary patterns, making the study of their phylogenetic relationships essential for understanding domestication and genetic diversity. In this study, phylogenetic relationships within the genus *Oryza* were analyzed using chloroplast *matK* gene sequences through a bioinformatics approach. A total of twelve species, representing both cultivated and wild taxa, were selected from the GenBank database. Sequence alignment and tree reconstruction were carried out using MEGA version 11. The phylogenetic tree was generated using the Neighbor-Joining method with the Maximum Composite Likelihood model, and its reliability was assessed through 10,000 bootstrap replications. The results show a clear distinction between cultivated and wild *Oryza* species. *Oryza sativa* (*Japonica* and *Indica*) is closely associated with *O. nivara*, supported by high bootstrap values, indicating a strong evolutionary link. Meanwhile, several wild species form separate clades, suggesting earlier divergence within the genus. Overall, the *matK* gene proves useful for describing phylogenetic relationships at the genus level, although its ability to resolve relationships among closely related species remains limited. These findings contribute to a better understanding of the evolutionary structure of *Oryza* and highlight the potential importance of wild rice species in future conservation and breeding efforts.

**Keywords:** *Oryza*, phylogenetic analysis, *matK* gene, Neighbor-Joining, bioinformatics.

## PENDAHULUAN

Genus *Oryza* merupakan salah satu kelompok tumbuhan dari famili Poaceae yang memiliki peran sangat penting dalam ketahanan pangan global. Spesies budidaya seperti *Oryza sativa* menjadi sumber pangan utama bagi sebagian besar penduduk dunia, khususnya di kawasan Asia. Selain spesies budidaya, genus *Oryza* juga mencakup berbagai spesies liar yang tersebar di Asia, Afrika, dan Amerika, yang memiliki potensi besar sebagai sumber keragaman genetik untuk perbaikan varietas padi, terutama terkait ketahanan terhadap cekaman biotik dan abiotik serta adaptasi terhadap perubahan iklim (Wing *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2022). Oleh karena itu, pemahaman mengenai hubungan kekerabatan antarspesies dalam genus ini menjadi aspek penting dalam kajian evolusi, konservasi sumber daya genetik, dan pemuliaan tanaman padi.

Upaya klasifikasi dan penentuan hubungan kekerabatan spesies *Oryza* secara konvensional umumnya didasarkan pada karakter morfologi. Namun, pendekatan ini sering menghadapi keterbatasan akibat adanya kemiripan fenotip antartaksa, variasi morfologi yang dipengaruhi lingkungan, serta konvergensi karakter pada spesies yang tidak berkerabat dekat (Zhao *et al.*, 2020). Beberapa penelitian nasional juga melaporkan bahwa identifikasi spesies padi liar berdasarkan karakter morfologi saja kerap menimbulkan ambiguitas, terutama pada spesies yang memiliki ciri vegetatif serupa (Handayani & Nugroho, 2021; Suryani *et al.*, 2019). Kondisi ini mendorong berkembangnya pendekatan molekuler sebagai alternatif yang lebih objektif dalam studi filogenetik tumbuhan.

Analisis filogenetik berbasis sekuen DNA telah banyak digunakan untuk merekonstruksi hubungan evolusi antarspesies dengan tingkat akurasi yang lebih tinggi dibandingkan pendekatan morfologi. Gen kloroplas, khususnya gen *matK*, merupakan salah satu penanda molekuler yang paling umum digunakan dalam studi filogenetik dan DNA barcoding tumbuhan karena memiliki laju substitusi nukleotida yang relatif tinggi namun tetap mempertahankan daerah konservatif yang stabil. Karakteristik tersebut memungkinkan gen *matK* memberikan resolusi filogenetik yang baik pada tingkat genus maupun spesies berkerabat dekat. Perkembangan teknologi

sekuensing DNA dalam satu dekade terakhir semakin meningkatkan pemanfaatan marker kloroplas dalam analisis hubungan kekerabatan tumbuhan, termasuk pada kelompok rumput-rumputan (Poaceae). Sejumlah penelitian menunjukkan bahwa gen *matK* efektif dalam mengungkap variasi genetik serta pola evolusi berbagai spesies tumbuhan, baik pada skala global maupun nasional, termasuk dalam studi keanekaragaman genetik tanaman pangan di Indonesia (Li *et al.*, 2021; Rahmawati *et al.*, 2020; Saarela *et al.*, 2018; Wibowo *et al.*, 2021)

Studi filogenetik pada genus *Oryza* sendiri telah banyak dilakukan dengan menggunakan berbagai pendekatan molekuler. Penelitian berbasis data genom dan multigen menunjukkan bahwa spesies budidaya *O. sativa* memiliki hubungan kekerabatan yang sangat erat dengan beberapa spesies liar, seperti *O. nivara* dan *O. rufipogon*, yang berperan sebagai leluhur padi Asia modern (Choi *et al.*, 2017; Civián *et al.*, 2019). Sementara itu, spesies liar dari Afrika dan Amerika menunjukkan pola divergensi yang lebih awal dan merepresentasikan jalur evolusi yang berbeda dalam genus *Oryza* (Stein *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2018). Hasil serupa juga dilaporkan dalam beberapa kajian nasional yang menekankan pentingnya spesies padi liar sebagai sumber plasma nutfah potensial dalam program pemuliaan padi di Indonesia (Prasetyo *et al.*, 2022; Sutaryo *et al.*, 2018).

Meskipun demikian, sebagian besar penelitian filogenetik *Oryza* terkini lebih berfokus pada pendekatan multigen atau analisis genom skala luas. Di sisi lain, analisis filogenetik berbasis satu penanda kloroplas seperti gen *matK* masih memiliki relevansi, terutama untuk analisis awal hubungan kekerabatan, studi komparatif lintas spesies, serta pembelajaran bioinformatika dengan memanfaatkan data sekuen yang tersedia di basis data publik (Li *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2022). Selain itu, tidak semua penelitian filogenetik memberikan perhatian yang memadai terhadap kestabilan topologi pohon yang dihasilkan. Banyak studi hanya menyajikan satu pohon filogenetik tanpa mengevaluasi secara mendalam tingkat dukungan statistik pada setiap cabang, sehingga keandalan hubungan kekerabatan yang diinterpretasikan masih perlu dikaji lebih lanjut.

Berdasarkan kondisi tersebut, kebaruan penelitian ini terletak pada penekanan evaluasi

kestabilan topologi pohon filogenetik genus *Oryza* berbasis gen *matK* melalui perbandingan antara original tree dan bootstrap consensus tree yang dihasilkan dari 10.000 replikasi bootstrap. Pendekatan ini memungkinkan penilaian yang lebih kritis terhadap kekuatan dukungan statistik setiap clade, khususnya pada spesies-spesies yang memiliki hubungan kekerabatan dekat.

Berdasarkan latar belakang dan permasalahan yang telah diuraikan, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis hubungan kekerabatan filogenetik 12 spesies dalam genus *Oryza* menggunakan sekuen gen *matK*. Analisis dilakukan dengan metode Neighbor-Joining berdasarkan model evolusi Maximum Composite Likelihood pada perangkat lunak MEGA11. Untuk menilai konsistensi struktur pohon yang dihasilkan, dilakukan uji bootstrap sebanyak 10.000 replikasi. Melalui pendekatan ini, diharapkan dapat diperoleh gambaran yang lebih jelas mengenai pola hubungan evolusi dan tingkat divergensi genetik dalam genus *Oryza*, sekaligus memberikan dasar ilmiah bagi penelitian lanjutan yang berkaitan dengan konservasi sumber daya genetik dan pengembangan varietas padi.

## METODE

Penelitian ini dilakukan dengan pendekatan bioinformatika untuk merekonstruksi hubungan kekerabatan filogenetik dalam genus *Oryza* berdasarkan sekuen gen *matK*. Data yang digunakan berupa sekuen DNA gen *matK* dari 12 spesies *Oryza* yang mewakili spesies budidaya dan spesies liar dari berbagai wilayah geografis. Seluruh sekuen diperoleh dari basis data GenBank yang dikelola oleh National Center for Biotechnology Information (NCBI) dalam format FASTA, dengan panjang sekuen berkisar antara 1.350 hingga 1.629 pasangan basa dan mencakup wilayah homolog yang dapat dibandingkan antarspesies.

Rekonstruksi filogenetik dilakukan menggunakan perangkat lunak MEGA versi 11 (Kumar *et al.*, 2018). Penyelarasan sekuen dilakukan dengan algoritma ClustalW yang tersedia pada perangkat lunak tersebut. Alignment mencakup posisi kodon pertama, kedua, dan ketiga, serta wilayah non-koding. Posisi yang mengandung data ambigu atau gap dihilangkan menggunakan metode pairwise

deletion untuk meminimalkan bias dalam analisis jarak genetik.

Selanjutnya, jarak evolusi antarspesies dihitung menggunakan model evolusi nukleotida Maximum Composite Likelihood, yang umum digunakan dalam analisis filogenetik berbasis data sekuen DNA. Nilai jarak genetik yang diperoleh selanjutnya digunakan sebagai dasar dalam rekonstruksi pohon filogenetik.

Pohon filogenetik dikonstruksi menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ), yang masih banyak digunakan dalam analisis filogenetik karena efisien dan mampu memberikan gambaran awal hubungan evolusi antarspesies (Kumar *et al.*, 2018; Mishra *et al.*, 2022). Pendekatan ini juga umum diterapkan dalam penelitian bioinformatika berbasis data publik karena relatif mudah diimplementasikan (Prasetyo & Rahayu, 2020). Seluruh proses rekonstruksi pohon dilakukan dengan parameter standar pada MEGA versi 11. Untuk menguji kestabilan dan keandalan topologi pohon filogenetik, dilakukan analisis bootstrap sebanyak 10.000 replikasi. Nilai bootstrap ditampilkan pada setiap simpul (node) sebagai persentase kemunculan clade yang sama dalam seluruh replikasi dan digunakan sebagai indikator tingkat dukungan statistik terhadap hubungan kekerabatan antarspesies.

Hasil analisis disajikan dalam bentuk original tree dan bootstrap consensus tree untuk memudahkan interpretasi hubungan filogenetik antarspesies. Penelitian ini tidak menggunakan outgroup sehingga pohon filogenetik yang dihasilkan bersifat unrooted.

## HASIL PENELITIAN

Analisis filogenetik dalam penelitian ini didasarkan pada 12 sekuen gen *matK* dari berbagai spesies dalam genus *Oryza* yang diperoleh dari basis data GenBank. Sekuen yang digunakan memiliki panjang bervariasi, yaitu antara 1.350 hingga 1.629 pasangan basa. Variasi panjang sekuen tersebut terutama disebabkan oleh perbedaan wilayah sekuen yang tersedia pada masing-masing spesies, namun seluruh sekuen masih mencakup bagian gen *matK* yang homolog dan dapat dibandingkan secara filogenetik.

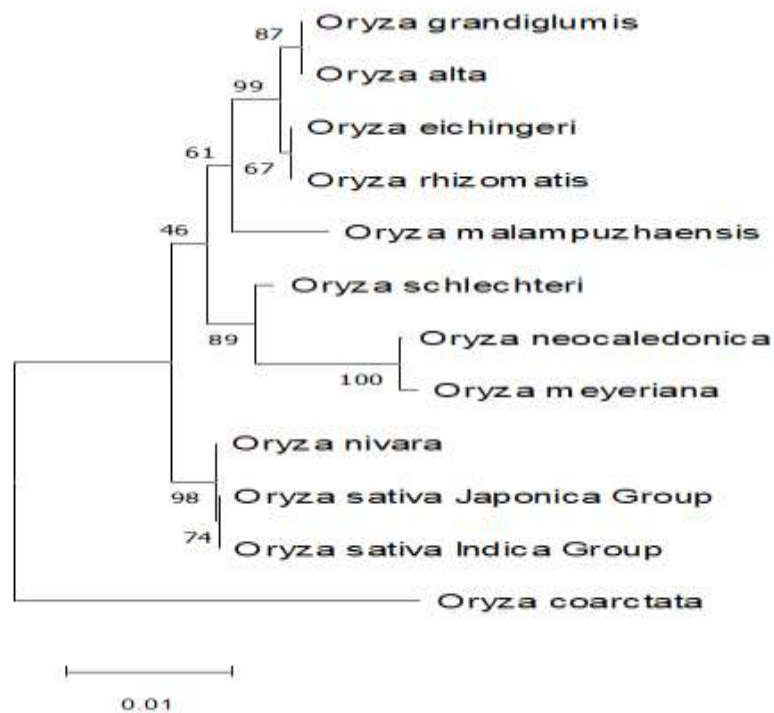
Tabel 1. Daftar spesies *Oryza* yang digunakan dalam analisis berdasarkan sekuen gen *matK*.

No.	Nama Spesies	Accession Number	Country	Panjang Sekuen (bp)
1	<i>Oryza sativa Japonica Group</i>	NC_001320.1	Japan	1536
2	<i>Oryza nivara</i>	AP006728.1	Japan	1629
3	<i>Oryza sativa Indica Group</i>	OP729774.2	South Korea	1536
4	<i>Oryza malampuzhaensis</i>	NC_053278.1	USA	1629
5	<i>Oryza schlechteri</i>	NC_053277.1	USA	1629
6	<i>Oryza neocaledonica</i>	NC_053276.1	USA	1629
7	<i>Oryza coarctata</i>	NC_036934.1	USA	1350
8	<i>Oryza meyeriana</i>	NC_034765.1	USA	1629
9	<i>Oryza grandiglumis</i>	NC_034761.1	USA	1629
10	<i>Oryza alta</i>	NC_034760.1	USA	1629
11	<a href="#">Oryza eichingeri</a>	NC_034759.1	USA	1629
12	<a href="#">Oryza rhizomatis</a>	NC_034758.1	USA	1629

Hasil penyelarasan sekuen menggunakan ClustalW pada perangkat lunak MEGA11 menunjukkan bahwa sebagian besar posisi nukleotida bersifat konservatif, dengan beberapa situs variabel yang berpotensi berkontribusi terhadap pemisahan filogenetik antarspesies. Keberadaan variasi nukleotida ini menunjukkan bahwa gen *matK* memiliki tingkat variasi yang cukup untuk digunakan sebagai penanda filogenetik pada tingkat genus *Oryza*. Temuan ini sejalan dengan hasil penelitian sebelumnya yang menyatakan bahwa gen *matK* efektif dalam mengungkap hubungan kekerabatan pada kelompok tumbuhan berkerabat dekat, khususnya dalam famili Poaceae (Li *et al.*, 2021; Saarela *et al.*, 2018)

Pola konservasi nukleotida yang tinggi pada gen *matK* merupakan karakteristik umum gen kloroplas yang berperan penting dalam proses translasi protein pada plastida. Meskipun bersifat relatif konservatif, keberadaan situs variabel pada beberapa posisi alignment tetap memberikan informasi filogenetik yang signifikan untuk membedakan kelompok taksa berkerabat dekat. Penelitian terbaru menunjukkan bahwa kombinasi antara daerah konservatif dan variabel pada gen *matK* memungkinkan marker ini digunakan secara efektif dalam rekonstruksi hubungan evolusi tumbuhan berbunga, termasuk anggota famili Poaceae (Li *et al.*, 2021; Rahmawati *et al.*, 2020; Utami *et al.*, 2019).

Pohon filogenetik yang dibangun menggunakan metode Neighbor-Joining dengan model evolusi Maximum Composite Likelihood menghasilkan pengelompokan spesies *Oryza* ke dalam beberapa clade utama. Topologi awal yang dihasilkan (original tree) menunjukkan adanya pemisahan yang jelas antara kelompok spesies budidaya dan kelompok spesies liar.

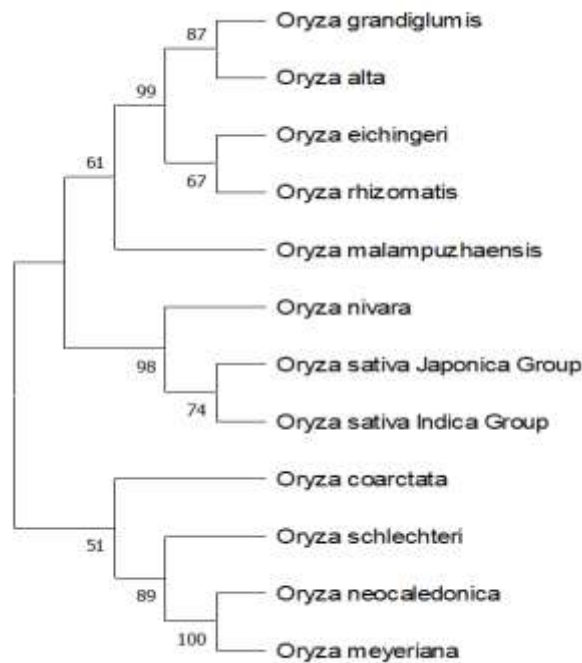


Gambar 1. Pohon filogenetik genus *Oryza* berdasarkan gen *matK* menggunakan metode Neighbor-Joining.

Pada pohon tersebut, *Oryza sativa* kelompok Japonica dan Indica membentuk satu clade yang berkerabat sangat dekat dengan *O. nivara*. Kedekatan ini mencerminkan hubungan evolusi yang kuat di antara ketiga spesies tersebut, yang secara historis diketahui memiliki keterkaitan erat dalam proses domestikasi padi Asia. Hasil ini konsisten dengan berbagai studi filogenetik dan genomik yang melaporkan bahwa *O. nivara* merupakan salah satu kerabat terdekat dan kandidat leluhur dari padi budidaya Asia (*O. sativa*) (Choi *et al.*, 2017; Civián *et al.*, 2019).

Sebaliknya, spesies liar seperti *Oryza grandiglumis*, *O. alta*, *O. eichingeri*, dan *O. rhizomatis* membentuk clade terpisah yang menunjukkan divergensi evolusi lebih awal. Kelompok ini umumnya terdiri atas spesies yang tersebar di Afrika dan Amerika, yang secara geografis dan ekologis berbeda dari spesies padi Asia. Pola pemisahan ini mencerminkan sejarah evolusi genus *Oryza* yang kompleks dan dipengaruhi oleh isolasi geografis serta adaptasi terhadap lingkungan yang berbeda (Stein *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2018).

Untuk menguji keandalan hubungan filogenetik yang dihasilkan, dilakukan analisis bootstrap sebanyak 10.000 replikasi. Hasil analisis ini disajikan dalam bentuk bootstrap consensus tree, yang hanya mempertahankan cabang-cabang dengan tingkat kemunculan  $\geq 50\%$  selama replikasi.



Gambar 2. Bootstrap consensus tree pohon filogenetik genus *Oryza* berdasarkan gen *matK* (10.000 replikasi).

Nilai bootstrap yang tinggi ( $\geq 95\%$ ) diperoleh pada clade yang mengelompokkan *O. sativa Japonica*, *O. sativa Indica*, dan *O. nivara*. Nilai ini menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antarspesies dalam clade tersebut sangat stabil dan didukung kuat secara statistik. Temuan ini memperkuat interpretasi bahwa gen *matK* mampu merepresentasikan hubungan evolusi yang jelas pada kelompok spesies *Oryza* yang berkerabat dekat.

Clade yang terdiri atas *O. grandiglumis*, *O. alta*, dan *O. eichingeri* juga menunjukkan nilai bootstrap yang tinggi, mengindikasikan kestabilan hubungan evolusi pada kelompok spesies liar tersebut. Sebaliknya, beberapa spesies seperti *O. schlechteri*, *O. meyeriana*, dan *O. neocaledonica* menunjukkan nilai bootstrap sedang hingga rendah, yang menandakan bahwa posisi filogenetik spesies-spesies tersebut masih relatif kurang stabil apabila hanya dianalisis menggunakan satu penanda gen kloroplas. Variasi nilai bootstrap antarclade menunjukkan bahwa kekuatan sinyal filogenetik dipengaruhi oleh jumlah situs informatif dalam sekuen yang dianalisis. Pada genus *Oryza*, kompleksitas evolusi yang melibatkan domestikasi dan kemungkinan aliran gen antarspesies liar dapat memengaruhi

stabilitas topologi pohon filogenetik, terutama ketika analisis hanya menggunakan satu penanda molekuler (Gutaker *et al.*, 2020; Mishra *et al.*, 2022). Penelitian lokal juga menunjukkan bahwa penggunaan satu marka molekuler perlu diinterpretasikan secara hati-hati karena dapat menghasilkan ketidakstabilan topologi pada kelompok genetik yang sangat berdekatan (Handayani & Nugroho, 2021; Prasetyo *et al.*, 2022).

Nilai bootstrap yang tinggi pada beberapa clade utama menunjukkan adanya sinyal evolusi yang kuat dalam sekuen gen *matK*. Dukungan statistik yang tinggi umumnya berkorelasi dengan keberadaan situs nukleotida informatif yang stabil selama proses alignment. Penelitian terbaru pada genus *Oryza* menunjukkan bahwa stabilitas kladogram sering berkaitan dengan sejarah domestikasi serta adaptasi ekologis spesies terhadap lingkungan yang berbeda (Stein *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2022). Di sisi lain, nilai bootstrap sedang hingga rendah pada beberapa cabang dapat disebabkan oleh laju evolusi yang relatif lambat pada genom kloroplas atau adanya peristiwa hibridisasi alami yang umum terjadi pada spesies padi liar (Suryani *et al.*, 2019). Hasil serupa juga dilaporkan pada penelitian nasional yang menunjukkan bahwa penggunaan

satu marka molekuler sering kali belum cukup untuk memisahkan spesies yang memiliki hubungan kekerabatan sangat dekat (Handayani & Nugroho, 2021; Prasetyo *et al.*, 2022).

Hasil ini menunjukkan bahwa perbandingan antara original tree dan bootstrap consensus tree memberikan informasi penting terkait tingkat keandalan topologi pohon filogenetik. Cabang dengan nilai bootstrap rendah perlu diinterpretasikan secara hati-hati karena kemungkinan dipengaruhi oleh keterbatasan variasi genetik pada gen *matK* atau oleh sejarah evolusi yang lebih kompleks.

Pola pengelompokan filogenetik yang diperoleh dalam penelitian ini mencerminkan sejarah domestikasi dan divergensi evolusi dalam genus *Oryza*. Kedekatan genetik antara *O. sativa* dan *O. nivara* mendukung hipotesis bahwa spesies liar tersebut memiliki peran penting dalam asal-usul padi budidaya Asia. Sementara itu, spesies liar dari Afrika dan Amerika yang membentuk clade terpisah menunjukkan jalur evolusi yang berbeda dan relatif lebih basal dalam genus *Oryza*.

Meskipun gen *matK* terbukti efektif dalam mengungkap hubungan filogenetik pada tingkat genus, hasil penelitian ini juga menunjukkan adanya keterbatasan resolusi pada beberapa cabang dengan nilai bootstrap rendah. Hal ini mengindikasikan bahwa penggunaan satu penanda kloroplas belum selalu cukup untuk menjelaskan hubungan evolusi yang lebih halus antarspesies *Oryza*. Beberapa penelitian menyarankan penggunaan pendekatan multigen atau integrasi data genom kloroplas dan nuklir untuk memperoleh resolusi filogenetik yang lebih tinggi (Li *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2022).

Dengan demikian, hasil penelitian ini dapat dipandang sebagai analisis awal yang memberikan gambaran umum mengenai struktur filogenetik genus *Oryza*. Informasi yang diperoleh tetap memiliki nilai penting, khususnya dalam konteks konservasi sumber daya genetik dan pemanfaatan spesies padi liar sebagai sumber plasma nutfah dalam program pemuliaan padi di masa mendatang, sebagaimana juga ditekankan dalam sejumlah kajian nasional terkait pengelolaan keanekaragaman padi liar di Indonesia (Prasetyo *et al.*, 2022; Sutaryo *et al.*, 2018). Selain memberikan gambaran hubungan evolusi, hasil penelitian ini menegaskan pentingnya integrasi pendekatan bioinformatika

dalam studi biodiversitas tanaman pangan. Pemanfaatan data sekuen publik memungkinkan analisis komparatif lintas wilayah geografis tanpa keterbatasan akses material biologis secara langsung. Pendekatan ini semakin banyak digunakan dalam penelitian genetika tanaman di Indonesia karena mampu meningkatkan efisiensi penelitian sekaligus memperluas pemanfaatan data genomik global untuk konservasi plasma nutfah lokal (Utami *et al.*, 2019; Wibowo *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2022).

## SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil analisis yang telah dilakukan, gen *matK* dapat digunakan untuk menggambarkan hubungan kekerabatan antarspesies dalam genus *Oryza* dengan cukup baik pada tingkat genus. Pohon filogenetik yang dihasilkan menunjukkan adanya pemisahan yang jelas antara spesies padi budidaya dan spesies liar. *Oryza sativa* kelompok *Japonica* dan *Indica* terlihat memiliki kedekatan hubungan dengan *O. nivara*, yang didukung oleh nilai bootstrap tinggi, sehingga memperkuat dugaan adanya hubungan evolusi yang erat di antara spesies tersebut. Sementara itu, beberapa spesies liar membentuk kelompok tersendiri yang mengindikasikan bahwa mereka mengalami divergensi lebih awal. Namun demikian, tidak semua cabang dalam pohon menunjukkan dukungan yang kuat. Hal ini menunjukkan bahwa penggunaan gen *matK* sebagai satu-satunya penanda masih memiliki keterbatasan, terutama dalam membedakan spesies yang memiliki hubungan kekerabatan sangat dekat.

Untuk penelitian selanjutnya, disarankan agar analisis filogenetik tidak hanya menggunakan satu penanda gen, tetapi dikombinasikan dengan gen lain atau pendekatan multigen agar hasil yang diperoleh lebih akurat dan memiliki resolusi yang lebih tinggi. Selain itu, penggunaan outgroup juga perlu dipertimbangkan agar pohon filogenetik yang dihasilkan memiliki arah evolusi yang lebih jelas. Penelitian lanjutan juga diharapkan dapat melibatkan lebih banyak spesies agar gambaran hubungan kekerabatan dalam genus *Oryza* menjadi lebih lengkap.

## DAFTAR RUJUKAN

Choi, J. Y., Platts, A. E., Fuller, D. Q., Hsing, Y. I., Wing, R. A., & Purugganan, M. D.

- (2017). The rice paradox: Multiple origins but single domestication in Asian rice. *Molecular Biology and Evolution*, *34*(4), 969–979. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx049>
- Civáň, P., Craig, H., Cox, C. J., & Brown, T. A. (2019). Three geographically separate domestications of Asian rice. *Nature Plants*, *5*, 491–498.
- Gutaker, R. M., Groen, S. C., Bellis, E. S., Choi, J. Y., Pires, I. S., Bocinsky, R. K., Slayton, E. R., Wilkins, O., Castillo, C. C., Negrão, S., Oliveira, H. R., Fuller, D. Q., & Purugganan, M. D. (2020). Genomic history and ecology of rice domestication. *Nature Plants*, *6*(5), 492–500.
- Handayani, T., & Nugroho, L. H. (2021). Identifikasi morfologi beberapa spesies padi liar di Indonesia dan implikasinya terhadap konservasi plasma nutfah. *Jurnal Biologi Tropis*, *21*(2), 345–353.
- 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*, 1547–1549.
- Li, X., Zhu, J., & Yang, J. (2021). Phylogeny and evolution of the genus *Oryza* based on chloroplast genome sequences. *BMC Plant Biology*, *21*, 1–14.
- Mishra, S., Singh, R. K., & Mohapatra, T. (2022). Molecular markers and genomic approaches in rice phylogenetics. *Plant Molecular Biology Reporter*, *40*, 1–15.
- Prasetyo, B., & Rahayu, S. (2020). Analisis bioinformatika dalam studi filogenetik tumbuhan. *Jurnal Bioteknologi Indonesia*, *17*(2), 85–94.
- Prasetyo, B., Rahayu, S., & Wibowo, A. (2022). Pemanfaatan padi liar dalam pemuliaan padi berkelanjutan di Indonesia. *Jurnal Sumberdaya Genetik*, *11*(1), 45–56.
- Rahmawati, D., Sari, R., & Utami, D. W. (2020). Pemanfaatan gen *matK* sebagai penanda molekuler dalam analisis filogenetik tumbuhan. *Jurnal Bioteknologi Indonesia*, *17*(1), 12–20.
- Saarela, J. M., Burke, S. V., & Wysocki, W. P. (2018). A 250 plastome phylogeny of the grass family (Poaceae). *American Journal of Botany*, *105*(4), 1–20.
- Stein, J. C., Yu, Y., & Copetti, D. (2018). Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover, and innovation across the genus *Oryza*. *Nature Genetics*, *50*, 285–296. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0040-0>
- Suryani, N., Putra, R. A., & Lestari, P. (2019). Karakter morfologi dan variasi fenotip padi liar Indonesia. *Biosfera*, *36*(3), 123–131.
- Sutaryo, D., Handayani, T., & Lestari, D. A. (2018). Keanekaragaman genetik padi liar (*Oryza* spp.) sebagai sumber plasma nutfah. *Jurnal Biologi Indonesia*, *14*(2), 123–132.
- Utami, D. W., Nugroho, K., & Lestari, P. (2019). Analisis keragaman genetik tanaman pangan berbasis marka molekuler. *Jurnal AgroBiogen*, *15*(2), 67–75.
- Wibowo, A., Prasetyo, B., & Rahayu, S. (2021). Karakterisasi dan hubungan kekerabatan padi lokal Indonesia berbasis analisis molekuler. *Jurnal Sumberdaya Genetik*, *12*(1), 23–34.
- Wing, R. A., Purugganan, M. D., & Zhang, Q. (2018). The rice genome revolution: From an ancient grain to Green Super Rice. *Nature Reviews Genetics*, *19*, 505–517.
- Zhang, H., Chen, Y., & Li, Z. (2022). Genetic resources of wild rice and their application in breeding. *Plants*, *11*(3), 345.
- Zhang, Q. J., Zhu, T., & Xia, E. H. (2018). Rapid diversification of *Oryza* AA genomes. *Molecular Biology and Evolution*, *35*(11), 1–14.
- Zhao, Y., Zhou, L., & Wang, X. (2020). Morphological convergence and taxonomic implications in Poaceae. *Plant Systematics and Evolution*, *306*, 45.