

**KARAKTERISASI MORFOLOGI, ANATOMI, DAN MOLEKULER  
*DENDROBIUM* LOKAL LAMPUNG SERTA POTENSINYA SEBAGAI  
ANTIVIRUS SECARA *IN SILICO* DENGAN *MOLECULAR DOCKING***

**Tesis**

**OLEH**

**LULU ANBIYA  
2327021006**



**PROGRAM PASCASARJANA MAGISTER BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS LAMPUNG  
BANDAR LAMPUNG  
2025**

## ABSTRAK

### **KARAKTERISASI MORFOLOGI, ANATOMI, DAN MOLEKULER *DENDROBIUM* LOKAL LAMPUNG SERTA POTENSINYA SEBAGAI ANTIVIRUS SECARA *IN SILICO* DENGAN MOLECULAR DOCKING**

Oleh

**LULU ANBIYA**

*Dendrobium* merupakan salah satu genus dari suku Orchidaceae yang memiliki lebih dari 1000 spesies sehingga identifikasi yang akurat sangat diperlukan untuk mengetahui spesies secara spesifik. Pada penelitian ini pengambilan sampel *Dendrobium* dilakukan di Kebun Raya Liwa, Lampung Barat. Tujuan penelitian ini yaitu mengkarakterisasi *Dendrobium* berdasarkan karakter morfologi dan anatomi, mengidentifikasi *Dendrobium* secara molekuler, serta mengetahui potensi *Dendrobium* sebagai antivirus menggunakan *Molecular Docking*. Hasil analisis kekerabatan fenetik pada karakter morfologi dan anatomi 19 sampel daun *Dendrobium* dianalisis menggunakan software MVSP 3.22. Hasil PCA karakter morfologi menunjukkan bahwa fokus utama dari klaster I adalah karakter morfologi tanaman vegetatif sedangkan klaster II didominasi oleh karakteristik generatif. Hasil PCA karakter anatomi menunjukkan lebar bukaan stomata, indeks stomata, kerapatan stomata, dan luas stomata memiliki pengaruh signifikan terhadap variasi dalam data yang dijelaskan oleh komponen utama pertama (PC1) dan komponen utama kedua (PC2). Identifikasi spesies secara molekuler dilakukan dengan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer ITS1/ITS2 berukuran  $\pm 300$  bp. Sampel D7, D11, dan D12 diperoleh persentase kemiripan 99,03% dengan AB593537.1 yaitu *Dendrobium crumenatum* asal Jepang dan D12 memiliki persentase kemiripan 98,71% dengan MH763846.1 yang juga *Dendrobium crumenatum* asal Sri Lanka. Sampel D15, D18, dan D19 memiliki persentase kemiripan 99,35% dengan AB593650.1 yaitu *Dendrobium rosellum* asal Jepang. Analisis *molecular docking* menunjukkan ligan yang dideteksi memiliki interaksi dengan afinitas tinggi pada protein target. Ligan yang memiliki peluang tertinggi untuk berikatan dengan 7X6L yaitu *Medioresinol* dan *Naringenin*. Ligan yang memiliki peluang tertinggi untuk berikatan dengan 6LU7 (Mpro) yaitu *Medioresinol*, *Liriiresinol B*, dan *Denthrysinin* yang berpotensi sebagai antivirus.

**Kata Kunci:** Anatomi, *Dendrobium*, Molekuler, *Molecular Docking*, Morfologi.

## ABSTRACT

### MORPHOLOGICAL, ANATOMICAL, AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF LOCAL LAMPUNG *DENDROBIUM* AND ITS POTENTIAL AS AN ANTIVIRAL AGENT THROUGH IN SILICO MOLECULAR DOCKING

By

LULU ANBIYA

*Dendrobium* is one of the genera in the Orchidaceae family, comprising more than 1,000 species, making accurate identification essential to determine specific species. In this study, *Dendrobium* samples were collected from Liwa Botanical Garden, West Lampung. The aim of this research was to characterize *Dendrobium* based on morphological and anatomical traits, identify the species molecularly, and assess its potential as an antiviral agent using molecular docking. Phylogenetic relationship analysis based on morphological and anatomical characters of 19 *Dendrobium* leaf samples was performed using MVSP 3.22 software. The PCA results of morphological characters showed that Cluster I was mainly focused on vegetative morphological traits, while Cluster II was dominated by generative characteristics. The PCA of anatomical characters indicated that stomatal aperture width, stomatal index, stomatal density, and stomatal area had a significant influence on variation, as explained by the first (PC1) and second (PC2) principal components. Molecular species identification was carried out using Polymerase Chain Reaction (PCR) with ITS1/ITS2 primers, producing fragments of approximately 300 bp. Samples D7, D11, and D12 showed 99.03% similarity with AB593537.1, identified as *Dendrobium crumenatum* from Japan, while D12 also showed 98.71% similarity with MH763846.1, *Dendrobium crumenatum* from Sri Lanka. Samples D15, D18, and D19 showed 99.35% similarity with AB593650.1, identified as *Dendrobium rosellum* from Japan. Molecular docking analysis showed that the detected ligands had high affinity interactions with target proteins. The ligands with the highest binding potential to 7X6L were *Medioresinol* and *Naringenin*. Meanwhile, the ligands with the highest binding potential to 6LU7 (Mpro) were *Medioresinol*, *Liriresinol B*, and *Denthrysinin*, which demonstrate potential as antiviral agents.

**Keywords:** Anatomy, *Dendrobium*, Molecular, Molecular Docking, Morphology.

**KARAKTERISASI MORFOLOGI, ANATOMI, DAN MOLEKULER  
*DENDROBIUM* LOKAL LAMPUNG SERTA POTENSINYA SEBAGAI  
ANTIVIRUS SECARA *IN SILICO* DENGAN *MOLECULAR DOCKING***

**Oleh  
LULU ANBIYA**

**Tesis**

**Sebagai Salah Satu Syarat Untuk Mencapai Gelar  
MAGISTER SAINS**

**Pada  
Program Studi Magister Biologi  
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Lampung**



**PROGRAM PASCASARJANA MAGISTER BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS LAMPUNG  
BANDAR LAMPUNG  
2025**

Judul Tesis

**KARAKTERISASI MORFOLOGI,  
ANATOMI, DAN MOLEKULER  
*DENDROBIUM LOKAL LAMPUNG*  
serta POTENSINYA SEBAGAI  
*ANTIVIRUS SECARA IN SILICO*  
DENGAN MOLECULAR DOCKING**

Nama Mahasiswa

*Lulu Anbiya*

Nomor Pokok Mahasiswa

: 2327021006

Program Studi

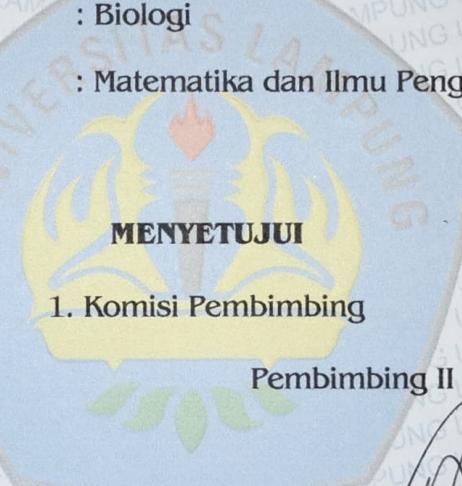
: Magister Biologi

Jurusan

: Biologi

Fakultas

: Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam



Pembimbing I

*Dr. Mahfut, S.Si., M.Sc.*

NIP 19810909 201404 1 001

Pembimbing II

*Favorisen R. Lumbanraja, Ph.D.*

NIP 19830110 200812 1 002

2. Ketua Program Studi Magister Biologi

*Dr. Nuning Nurcahyani, M.Sc.*

NIP 19660305 199103 2 001

## **MENGESAHKAN**

1. Tim Pengaji

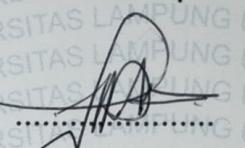
Ketua

: **Dr. Mahfut, S.Si., M.Sc.**



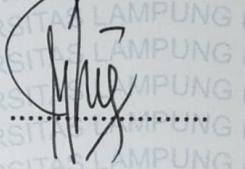
Sekretaris

: **Favorisen R. Lumbanraja, Ph.D.**



Pengaji

Bukan Pembimbing I : **Dr. Nuning Nurcahyani, M.Sc.**

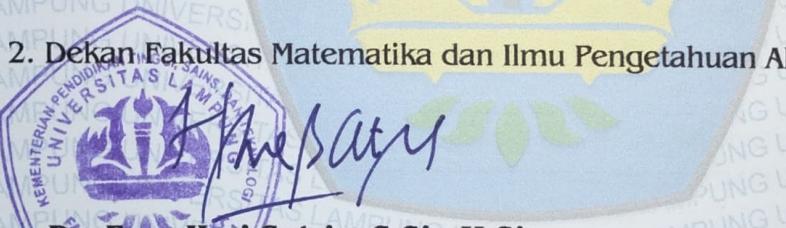


Pengaji

Bukan Pembimbing II : **Dr. Sri Wahyuningsih, M.Si.**



2. Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam



 **Dr. Eng. Heri Satria, S.Si., M.Sc.**

NIP 19711001 200501 1 002

3. Direktur Program Pascasarjana



 **Prof. Dr. Ir. Murhadi, M.Si.**

NIP 19640326 198902 1 001

Tanggal Lulus Ujian Tesis : **6 Agustus 2025**

**LEMBAR PERNYATAAN  
KEASLIAN TESIS**

Yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama mahasiswa : Lulu Anbiya  
NPM : 2327021006  
Program studi : Magister Biologi  
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Perguruan Tinggi : Universitas Lampung

Menyatakan dengan sesungguhnya dan sejurnya, bahwa tesis saya yang berjudul: **“Karakterisasi Morfologi, Anatomi, dan Molekuler *Dendrobium Lokal Lampung* serta Potensinya sebagai Antivirus Secara *In Silico* dengan Molecular Docking”**

Dengan ini menyatakan bahwa baik gagasan, tulisan, data maupun pembahasannya adalah benar karya saya sendiri yang saya susun dengan mengikuti norma dan etika akademik yang berlaku.

Demikian pernyataan ini saya buat dan dapat dipertanggungjawabkan. Apabila dikemudian hari terbukti pernyataan saya ini tidak benar, maka saya bersedia mempertanggungjawabkannya.

Bandar Lampung, 10 Agustus 2025

Yang Menyatakan,



Lulu Anbiya

NPM. 2327021006

## RIWAYAT HIDUP



Lulu Anbiya atau akrab disapa Lulu, lahir di Bandar Lampung, 9 Mei 2000. Penulis merupakan anak tunggal dari pasangan Bapak Qoharuddin Suhada Salam dan Ibu Diny Saidah. Penulis beralamat di Jalan Sultan Agung, Kelurahan Kota Sepang, Kecamatan Labuhan Ratu, Kota Bandar Lampung, Provinsi Lampung.

Penulis menempuh pendidikan pertamanya di Taman Kanak-kanak (TK) Aisyiyah pada tahun 2006, kemudian melanjutkan pendidikan Sekolah Dasar (SD) di SD Muhammadiyah 1 Bandar Lampung pada tahun 2007-2012. Selanjutnya, pendidikan Sekolah Menengah Pertama (SMP) di SMP Global Madani pada tahun 2012 dan lulus di tahun 2015. Penulis melanjutkan pendidikan Sekolah Menengah Atas (SMA) di SMA Global Madani pada tahun 2015 dan lulus pada tahun 2018. Penulis terdaftar sebagai mahasiswa Jurusan Biologi FMIPA Universitas Lampung melalui jalur Seleksi Mandiri Masuk Perguruan Tinggi Negeri (SMMPTN) Barat pada tahun 2018 dan lulus pada tahun 2022. Pada tahun 2023, penulis melanjutkan pendidikan pascasarjana pada Program Magister Biologi FMIPA di Universitas Lampung. Selama menempuh pendidikan magister, penulis pernah menjadi asisten praktikum mata kuliah Dasar Bioinformatika, mata kuliah Genetika, dan mata kuliah Rekayasa Genetika.

# PERSEMBAHAN

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Dengan mengucap rasa syukur kepada Allah Swt. yang telah memberikan rahmat, nikmat, hidayah, dan ridho-Nya sehingga saya dapat menjalani kehidupan ini dengan baik dan penuh berkah.

Shalawat beriring salam selalu tercurahkan kepada Nabi Muhammad saw. yang dinantikan syafaatnya di yaumul akhir.

Kupersembahkan karya ini untuk :

Orang tua yang paling berharga dalam hidup saya Bapak Qoharuddin Suhada Salam dan Ibu Diny Saidah yang telah memberikan kasih sayang, dukungan, motivasi, dan doa yang dipanjangkan dalam mengiringi setiap perjalanan hidup yang saya lalui;

Bapak dan Ibu dosen yang telah dengan sabar dan ikhlas dalam menyampaikan dan memberikan ilmu yang bermanfaat untuk saya yang insya Allah akan menjadi amal jariyah,

Seluruh sahabat yang telah menemani dan berjuang dari awal, saat ini, dan seterusnya dalam setiap perjalanan hidup saya;

serta

Almamaterku tercinta yang menjadi kebanggaan saya dimanapun saya berada,  
Universitas Lampung

## MOTTO

“Agar kamu tidak bersedih hati terhadap apa yang luput dari kamu dan tidak pula terlalu gembira terhadap apa yang diberikan-Nya kepadamu. Dan Allah tidak menyukai terhadap orang yang sombong dan membanggakan diri”

(QS. Al-Hadid: 23)

“Janganlah kamu berduka cita, sesungguhnya Allah selalu bersama kita”

(QS. At-Taubah: 40)

“If you do what you’ve always done, you’ll get what you’ve always gotten”

(Tony Robbins)

“The question isn’t who is going to let me. It’s who is going to stop me”

(Ayn Rand)

“Don’t worry about failures, worry about the chances you miss when you don’t even try”

(Jack Canfield)

"You can't connect the dots looking forward, you can only connect them looking backward. So you have to trust that the dots will somehow connect in your future. You have to trust in something, your gut, destiny, life, karma, whatever. This approach has never let me down, and it has made all the difference in my life"

(Steve Jobs)

## SANWACANA

Alhamdulillahirabbil'Alamin, puji syukur kepada Allah Subhanahu wa ta'ala atas rahmat dan karunia-Nya yang telah memberikan kemampuan kepada penulis dalam menyelesaikan tesis dengan judul **“Karakterisasi Morfologi, Anatomi, dan Molekuler *Dendrobium* Lokal Lampung serta Potensinya Sebagai Antivirus Secara *In Silico* dengan Molecular Docking”** yang dibuat sebagai bentuk pertanggungjawaban penulis selama menempuh pendidikan S2 dan merupakan salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister Sains (M.Si) di Universitas Lampung.

Penulis menyadari bahwa dalam penulisan tesis ini masih banyak kekurangan dan jauh dari kata sempurna. Penulisan tesis ini tidak terlepas dari bantuan, bimbingan, kritik, saran, dan dukungan, serta doa dari berbagai pihak. Oleh karena itu, dengan segala kerendahan hati penulis ingin menyampaikan rasa hormat dan terimakasih kepada :

1. Prof. Dr. Ir. Lusmeilia Afriani. D.E.A., IPM., ASEAN Eng., selaku Rektor Universitas Lampung;
2. Prof. Dr. Ir. Murhadi, M.Si., selaku Direktur Program Pascasarjana Universitas Lampung;
3. Eng. Heri Satria, S.Si., M.Si., selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lampung;
4. Dr. Jani Master, M.Si., selaku Ketua Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam (FMIPA) Universitas Lampung;
5. Dr. Mahfut, S.Si., M.Sc., selaku Pembimbing utama yang telah memberikan bimbingan, saran, dan dukungan selama proses penelitian hingga penulisan tesis.
6. Favorisen R. Lumbanraja, S. Kom., M. Si., Ph.D., selaku dosen pembimbing kedua yang telah memberikan bimbingan, arahan, masukan, kritik, dan saran dalam penyusunan tesis.
7. Dr. Nuning Nurcahyani, M.Sc., selaku dosen pembahas pertama dan Ketua Program Studi Magister Biologi FMIPA Universitas Lampung yang telah memberikan motivasi, kritik, saran, dan masukan yang sangat membantu penulis dalam kesempurnaan tesis.

8. Dr. Sri Wahyuningsih, M.Si., selaku Pembahas kedua yang telah dengan ikhlas dalam memberikan motivasi, kritik, saran, dan masukan yang sangat membantu penulis dalam kesempurnaan tesis.
9. Bapak dan Ibu Dosen, serta seluruh staf Program Studi Magister Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lampung, terimakasih atas ilmu, dukungan, bantuan, dan pengalaman yang banyak diberikan kepada penulis;
10. Seluruh Staf Kebun Raya Liwa Lampung Barat yang telah memberikan kesempatan penelitian kepada penulis;
11. Sahabatku terkasih, Khoirunisa yang selalu ada dalam memberikan dukungan, doa, dan semangat untuk penulis di setiap harinya.
12. Temanku tersayang, Mardiyah Indah yang selalu memberikan dukungan, motivasi dan doa kepada penulis.
13. Teman-temanku tersayang, Metari Arsitalia dan Suci Susanti yang selalu memberikan dukungan, motivasi dan doa kepada penulis.
14. Semua teman-teman satu angkatan Magister Biologi 2023 yang telah berjuang bersama dan selalu memotivasi dalam masa perkuliahan.

Semoga Allah SWT memberikan keberkahan dan membalaik kebaikan kepada semua pihak yang telah membantu penulis. Penulis menyadari masih banyak kekurangan dalam penyajian tesis ini, oleh karena itu penulis mengharapkan adanya kritik dan saran dari berbagai pihak. Penulis juga berharap tesis ini dapat memberikan informasi ilmu yang bermanfaat.

Bandar Lampung, 10 Agustus 2025

Lulu Anbiya

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>HALAMAN SAMPUL .....</b>	<b>i</b>
<b>ABSTRAK.....</b>	<b>ii</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>iii</b>
<b>SAMPUL DALAM.....</b>	<b>iv</b>
<b>HALAMAN PERSETUJUAN .....</b>	<b>v</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN .....</b>	<b>vi</b>
<b>LEMBAR PERNYATAAN KEASLIAN TESIS.....</b>	<b>vii</b>
<b>RIWAYAT HIDUP .....</b>	<b>viii</b>
<b>PERSEMBAHAN .....</b>	<b>ix</b>
<b>MOTTO .....</b>	<b>x</b>
<b>SANWACANA .....</b>	<b>xi</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>xiii</b>
<b>DAFTAR TABEL.....</b>	<b>xv</b>
<b>DAFTAR GAMBAR .....</b>	<b>xvi</b>
<b>I. PENDAHULUAN.....</b>	<b>1</b>
1.1. Latar Belakang .....	1
1.2. Tujuan Penelitian.....	3
1.3. Manfaat Penelitian.....	4
1.4. Kerangka Pikir .....	4
1.5. Hipotesis.....	5
<b>II. TINJAUAN PUSTAKA .....</b>	<b>6</b>
2.1. <i>Dendrobium</i> sp.....	6
2.2. Karakter Morfologi.....	9
2.3. Karakter Anatomi.....	12
2.4. Karakter Molekuler .....	13

2.5. Antivirus .....	15
2.6. <i>Molecular Docking</i> .....	16
<b>III. METODE PENELITIAN .....</b>	<b>21</b>
3.1. Waktu dan Tempat.....	21
3.2. Alat dan Bahan.....	22
3.3. Rancangan Penelitian .....	24
3.4. Prosedur Penelitian.....	25
3.4.1. Survei dan Koleksi Sampel .....	25
3.4.2. Karakterisasi Morfologi .....	25
3.4.3. Karakterisasi Anatomi .....	27
3.4.4. Karakterisasi Molekuler .....	28
3.4.4.1. Ekstraksi DNA sampel .....	28
3.4.4.2. Uji Kuantitatif Ekstraksi DNA .....	29
3.4.4.3. Amplifikasi DNA dengan <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR) .....	30
3.4.4.4. Visualisasi Hasil PCR dengan Elektroforesis .....	31
3.4.4.5. Sekuensing.....	31
3.4.5. <i>Molecular Docking</i> .....	32
3.4.5.1. Penentuan dan Persiapan Reseptor.....	32
3.4.5.2. Penentuan dan Persiapan Ligan.....	32
3.4.5.3. <i>Docking</i> Reseptor-Ligan.....	33
3.4.5.4. Validasi struktur kompleks reseptor ligan .....	33
3.5. Analisis Data .....	33
<b>IV. HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN .....</b>	<b>36</b>
4.1. Survei dan Koleksi Sampel.....	36
4.2. Karakterisasi Morfologi .....	37
4.3. Karakterisasi Anatomi.....	50
4.4. Karakterisasi Molekuler.....	60
4.5. <i>Molecular Docking</i> .....	74
<b>V. KESIMPULAN DAN SARAN .....</b>	<b>82</b>
5.1. Kesimpulan .....	82
5.2. Saran.....	83
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	<b>84</b>

## DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. <i>Gantt chart</i> waktu penelitian.....	21
2. Karakterisasi <i>Dendrobium</i> berdasarkan morfologi daun .....	25
3. komposisi reaktan PCR untuk satu kali reaksi amplifikasi DNA .....	30
4. Sekuens spesifik primer.....	30
5. Optimasi suhu dan waktu untuk reaksi PCR .....	30
6. Karakter morfologi pada 19 sampel daun <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa.....	37
7. Indeks similaritas sampel <i>Dendrobium</i> Kebun Raya Liwa.....	44
8. Karakter yang berperan dalam pengelompokan <i>Dendrobium</i> .....	48
9. Rerata ukuran dan indeks stomata <i>Dendrobium</i> .....	51
10.Indeks similaritas sampel <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa.....	56
11.Karakter yang berperan dalam pengelompokan <i>Dendrobium</i> .....	58
12.Nilai absorbansi sampel <i>Dendrobium</i> hasil uji kuantitatif DNA .....	60
13.Sekuens nukleotida 6 sampel <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa.....	63
14.Isolat virus yang dibandingkan dengan sampel D7, D11, D12, D15, D18, dan D19 untuk analisis filogenetik.....	68
15.Jarak genetik pada <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa.....	70
16.Persentase kandungan total basa nitrogen.....	71
17.Frekuensi kandungan asam amino pada <i>Dendrobium</i> .....	72
18.Ligan dari metabolit sekunder spesies <i>Dendrobium</i> pada protein 7X6L .....	75
19.Ligan dari metabolit sekunder spesies <i>Dendrobium</i> pada protein 6LU7 .....	75
20.Interaksi ligan dan protein 7X6L yang terpilih .....	78
21.Interaksi ligan dan protein 6LU7 yang terpilih .....	79

## DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. <i>Dendrobium discolor</i> .....	8
2. Diagram Alir Penelitian .....	24
3. Koleksi sampel daun <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa.....	36
4. Hasil dendrogram 19 sampel <i>Dendrobium</i> Kebun Raya Liwa .....	43
5. Hasil analisis PCA berdasarkan karakter morfologi pada 19 sampel daun <i>Dendrobium</i> di Kebun Raya Liwa. .....	47
6. Stomata <i>Dendrobium</i> dengan perbesaran 100x.....	50
7. Hasil analisis dendrogram <i>Dendrobium</i> .....	55
8. Pengelompokan hasil analisis PCA berdasarkan karakter anatomi .....	57
9. Visualisasi hasil amplifikasi dengan Primer ITS 1 dan ITS 2 pada <i>Dendrobium</i> .....	61
10. Hasil pencarian sekuens homolog sampel <i>Dendrobium</i> .....	67
11. Hasil <i>alignment</i> sekuens nukleotida.....	69
12. Pohon filogenetik isolat <i>Dendrobium</i> 1000 kali <i>bootstrap</i> .....	73

## I. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

*Dendrobium* adalah salah satu genus dari famili Orchidaceae dan telah teridentifikasi sebanyak 1.545 spesies. *Dendrobium* diminati karena memiliki nilai estetikanya dan komersialnya yang tinggi (Silva *et al.*, 2015).

*Dendrobium* memiliki keragaman terbesar di Asia Tenggara yang hidup secara epifit dan tersebar di daerah tropis hingga subtropis (Teoh, 2016). Di Provinsi Lampung terdapat Kebun Raya Liwa sebagai kawasan flora dengan *Dendrobium* yang memiliki keanekaragaman tinggi (Mahfut *et al.*, 2020).

Namun, identifikasi jenis di Kebun Raya Liwa masih didasarkan pada morfologi dan anatomi sulit dilakukan karena memiliki kemiripan antar spesies (Asahina *et al.*, 2010). Oleh karena itu, diperlukan identifikasi yang menggabungkan morfologi, anatomi, dan molekuler untuk mendapatkan hasil identifikasi yang valid (Perwitasari dkk., 2020).

Identifikasi spesies *Dendrobium* umumnya didasarkan pada karakter bunga, namun tidak semua individu berbunga. Oleh karena itu, organ vegetatif seperti akar, batang, dan terutama daun juga diamati. Daun memiliki variasi bentuk yang lebih jelas antar spesies dibandingkan akar dan batang.

Persamaan dan perbedaan karakter morfologis maupun anatomis pada daun dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies dan menentukan kekerabatan. Semakin tinggi persamaan karakter (lebih dari 70%) maka semakin dekat hubungan kekerabatannya (Rahmawati dkk., 2016).

Identifikasi spesies secara molekuler dapat dilakukan dengan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan sekuens DNA yang berasal dari fragmen genom. Metode PCR dinilai akurat dan penting dalam penelitian molekuler untuk mengetahui keanekaragaman spesies. Penanda molekuler yang digunakan berasal dari sekuens DNA yang menunjukkan variasi genetik

antar spesies (Chase *et al.*, 2003). Salah satu metode yang digunakan adalah DNA barcoding, yaitu identifikasi spesies melalui potongan gen tertentu yang bertujuan mempercepat dan mempermudah proses identifikasi secara akurat, cepat, dan efisien (Hajibabaei *et al.*, 2007).

Penggunaan sekuens DNA sebagai penanda identifikasi spesies telah banyak dilakukan oleh ahli taksonomi karena mampu memberikan data yang lebih akurat dan mencerminkan hubungan kekerabatan alami. Pada tumbuhan, sekuens DNA dapat diperoleh dari inti sel, kloroplas, atau mitokondria. Prinsip DNA *Barcode* adalah menggunakan sekuens DNA pendek untuk membangun pohon filogenetik dan mengidentifikasi hubungan antar spesies. Makhluk hidup mempunyai banyak gen sehingga diperlukan gen spesifik yang dapat membedakan antar spesies. Sekuens DNA yang digunakan untuk *Barcode* harus pendek, memiliki variabilitas genetik tinggi pada tingkat spesies, dan dapat diamplifikasi dengan primer universal dalam amplifikasi PCR (Suparman, 2016).

Primer *Internal Transcribed Spacer* (ITS) digunakan dalam DNA *Barcode* *Dendrobium* karena merupakan lokus tunggal berukuran 300–800 bp yang cocok untuk identifikasi dan klasifikasi taksonomi. ITS mudah diamplifikasi dan telah direkomendasikan sebagai barcode universal untuk tanaman obat dengan tingkat keberhasilan yang tinggi (Han *et al.*, 2013). Keberhasilan ITS dalam mengidentifikasi sebesar 92,7% pada tingkat spesies dan 99,9% pada tingkat genus (Chen *et al.*, 2010). Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh DNA spesifik untuk penanda analisis spesies *Dendrobium*.

Menurut Perwitasari dkk. (2020) dari 19 anggota *Dendrobium* yang terdapat di Indonesia dan 12 spesies telah tersedia urutan sekuensnya di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Data NCBI berisi informasi urutan sekuens DNA dengan basa nukleotida dan nomor aksesi sebagai penanda setiap spesies. Identifikasi molekuler dengan DNA *Barcode* menjadi metode alternatif dalam identifikasi spesies *Dendrobium*.

*Dendrobium* digunakan sebagai obat tradisional alami di Tiongkok dan penelitian menunjukkan adanya metabolit sekunder seperti flavonoid, alkaloid, turunan bibenzil dengan aktivitas antivirus (Fan *et al.*, 2001). Hal ini dapat dijadikan sebagai potensi dalam bidang pengobatan (Gutierrez, 2010). Penelitian Wang (2015) menunjukkan *Dendrobium nobile* memiliki aktivitas farmakologis karena kandungan metabolit sekunder meliputi alkaloid, seskuiterpenoid, senyawa aromatik, dan polisakarida. *Dendrobine* adalah alkaloid aktif utama yang memiliki aktivitas analgesik, antipiretik, hipotensi, dan hipotermia serta menghasilkan efek hiperglikemik serta antivirus (Trivedi *et al.*, 2020). Analisis kandidat antivirus di bidang botani sebaiknya dimulai dengan studi *in silico* untuk mengoptimalkan proses penelitian dan mencegah kerugian pada tahap *in vitro* dan *in vivo* (Sumon *et al.*, 2021). Penelitian ini melakukan pendekatan metode *in silico* berbasis *Molecular docking* karena relatif untuk mengetahui potensi metabolit sekunder pada spesies *Dendrobium* sebagai kandidat antivirus.

## 1.2 Tujuan

Adapun tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengkarakterisasi spesies *Dendrobium* di Lampung berdasarkan karakter morfologi.
2. Mengkarakterisasi spesies *Dendrobium* di Lampung berdasarkan karakter anatomi.
3. Mengidentifikasi spesies *Dendrobium* di Lampung berdasarkan analisis molekuler.
4. Mengetahui potensi *Dendrobium* sebagai antivirus menggunakan *Molecular Docking*.

### 1.3 Manfaat

Adapun manfaat dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Dapat digunakan sebagai referensi identifikasi penelitian dan *database* *Dendrobium* di Lampung.
2. Dapat digunakan untuk pembudidayaan, pengembangan, dan pemanfaatan *Dendrobium* di Lampung.
3. Dapat digunakan untuk upaya konservasi *Dendrobium* di Lampung.
4. Dapat digunakan sebagai literatur potensi *Dendrobium* sebagai antivirus.

### 1.4 Kerangka Pikir

*Dendrobium* menjadi salah satu genus terbesar dalam famili Orchidaceae.

Kebun Raya Liwa di Provinsi Lampung menjadi kawasan flora dengan tanaman *Dendrobium* yang keanekaragamannya tinggi namun banyak spesiesnya yang belum teridentifikasi dengan jelas. *Dendrobium* memiliki morfologi yang identik antarspesies sehingga sulit dalam menentukan spesies spesifiknya. Persamaan dan perbedaan karakter morfologi dan anatomi pada *Dendrobium* dapat membantu proses identifikasi dan mengetahui kekerabatan antar spesies. Meskipun kemiripan yang signifikan dapat menyulitkan dalam membedakan satu spesies dengan spesies lainnya.

Identifikasi pada *Dendrobium* berdasarkan molekuler dapat mengidentifikasi jenis anggrek *Dendrobium* secara spesifik. Penggunaan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) memungkinkan identifikasi *Dendrobium* secara spesifik dan akurat berdasarkan analisis sekuen DNA setiap spesies. Sekuen DNA dapat menunjukkan variasi genetik dalam suatu spesies yang kemudian digunakan dalam teknik DNA *Barcoding* untuk memperoleh informasi mengenai spesies. DNA *Barcoding* dapat mengidentifikasi spesies dengan menganalisis urutan sekuen DNA yang menunjukkan variasi basa nukleotida antar spesies dan hubungan kekerabatan secara filogenetik. Sekuen DNA yang digunakan sebagai tanda DNA *Barcoding* harus memiliki karakteristik tertentu, yaitu berukuran pendek agar mudah diamplifikasi, memiliki variasi

genetik yang tinggi pada tingkat spesies, dan dapat diamplifikasi menggunakan primer universal. Dalam proses DNA *Barcoding Dendrobium*, primer yang umum digunakan adalah *Internal Transcribed Spacer* (ITS).

*Dendrobium* mengandung berbagai senyawa metabolit sekunder, seperti *Dendrobine*, *Medioresinol*, *Nobilin E*, *Lirioresinol B*, *Denthrysinin*, *Naringenin*, *Dendrocandin*, dan *Acanthoside*. Senyawa tersebut memiliki potensi sebagai antivirus. Namun, potensi antivirus senyawa tersebut saat ini masih dalam tahap pengujian *in vitro*, sedangkan efektivitasnya secara *in vivo* belum dapat dipastikan. Penelitian eksperimental untuk menemukan kandidat obat dari bahan alami seringkali memerlukan waktu yang lama dan biaya yang besar. Oleh karena itu, pendekatan *in silico* melalui metode *Molecular docking* menjadi alternatif yang lebih efisien karena dapat dilakukan dengan cepat dan biaya yang lebih rendah dalam memprediksi interaksi senyawa dengan target virus.

## 1.5 Hipotesis

Adapun hipotesis dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Diperoleh hasil karakterisasi *Dendrobium* di Lampung berdasarkan karakter morfologi.
2. Diperoleh hasil karakterisasi *Dendrobium* di Lampung berdasarkan karakter anatomi.
3. Diperoleh spesies *Dendrobium* di Lampung berdasarkan analisis molekuler.
4. Diperoleh potensi *Dendrobium* sebagai antivirus yang berasal dari senyawa metabolit sekunder *Dendrobium* menggunakan *Molecular Docking*.

## II. TINJAUAN PUSTAKA

### 2.1 *Dendrobium sp.*

*Dendrobium* berasal dari kata “*dendros*” yang berarti pohon dan “*bios*” yang berarti hidup. *Dendrobium* dapat diartikan sebagai anggrek yang tumbuh di pohon yang masih hidup. *Dendrobium* memiliki sekitar 1.400 jenis yang tersebar di seluruh dunia, diantaranya Jepang, Cina, India, Semenanjung Malaka, Indonesia, Pulau Papua, dan Australia. *Dendrobium* merupakan salah satu kekayaan alam Indonesia. *Dendrobium* terbaik terdapat di kawasan timur Indonesia seperti Papua dan Maluku. *Dendrobium* banyak digunakan dalam rangkaian bunga karena memiliki kesegaran yang relatif lama, warna dan bentuk bunganya bervariasi, tangkai bunga lentur sehingga mudah dirangkai, dan produktivitasnya tinggi. *Dendrobium* dapat berbunga beberapa kali dalam setahun. Tangkai bunganya panjang dan dapat dirangkai sebagai bunga potong (Puchooa, 2004).

*Dendrobium* memiliki keanekaragaman yang sangat tinggi sehingga dapat dilihat pada habitat, ukuran, bentuk pseudobulb, daun maupun warna bunganya. Berdasarkan cara hidupnya, *Dendrobium* adalah jenis tumbuhan epifit dengan pola pertumbuhan simpodial, yaitu mempunyai pertumbuhan pseudobulb terbatas. *Dendrobium* termasuk komoditas tanaman yang paling banyak diminati oleh masyarakat. Hal ini disebabkan karena *Dendrobium* memiliki warna dan bentuk bunga yang bervariasi dan menarik (Sun *et al.*, 2020).

*Dendrobium* merupakan genus dari suku Orchidaceae. Berikut adalah klasifikasi dari *Dendrobium* sp. menurut sistem klasifikasi APG II (Plantamor, 2020).

Kerajaan : Plantae  
Divisi : Magnoliophyta  
Kelas : Liliopsida  
Bangsa : Asparagales  
Suku : Orchidaceae  
Marga : *Dendrobium*  
Jenis : *Dendrobium* sp.

Bentuk akar jenis anggrek sangat dipengaruhi oleh habitatnya. Akar *Dendrobium* yang merupakan epifit sering kali merupakan akar udara atau akar nafas yang menggantung bebas atau menempel pada tempat hidupnya. Akar *Dendrobium* umumnya lunak dan mudah patah, ujungnya meruncing, licin, dan sedikit lengket. *Dendrobium* memiliki akar keluar dari dasar pseudobulb atau sepanjang rhizoma. Batang *Dendrobium* tumbuh dengan simpodial memiliki batang utama yang tersusun oleh ruas-ruas tahunan. Masing-masing ruas dimulai dari daun sisik dan berakhir dengan setangkai pembungaan. *Dendrobium* tergolong epifit memiliki batang yang berbentuk bulb, oleh karena itu batang *Dendrobium* disebut pseudobulb (batang semu). Berdasarkan jumlah ruas (internode), *Dendrobium* memiliki batang semu tipe homoblastik yaitu yang mempunyai banyak ruas (Hew dan Yong, 2004).

Daun *Dendrobium* dapat dilihat dari bentuk, ukuran, dan ketebalannya. *Dendrobium* memiliki bentuk daun yang mirip dengan daun tanaman monokotil lainnya, yaitu bulat memanjang dengan tulang daun sejajar dan tepi daun yang rata. Daun yang tebal dijumpai pada jenis anggrek *Dendrobium*. Buah dari *Dendrobium* berwarna kuning bila telah masak, memiliki bentuk bulat dengan tiga rusuk sejati. Biji-biji dalam polong terkumpul di tiga rusuk sejati yang berjumlah 1.300-4.000.000 biji dalam satu polong. Bentuk polong buah anggrek dan waktu yang diperlukan sejak pembuahan hingga buah masak bervariasi tergantung genus atau jenis.

Kebanyakan buah *Dendrobium* memerlukan waktu 3-3,5 bulan hingga masak (Zasari dkk., 2010).

Bunga *Dendrobium* memiliki kelopak berbentuk segitiga. Bagian dasar bunga ini bersatu membentuk taji, sedangkan mahkotanya lebih tipis dari kelopaknya dengan tepi terbelah. Bunganya memiliki warna-warna cantik, baik warna tunggal maupun campuran seperti putih ungu, kuning, putih, hijau kekuningan, ungu, pink, dan lain-lain. *Dendrobium* merupakan bunga sempurna yaitu mempunyai organ reproduksi jantan (*androecium*) dan organ reproduksi betina (*gynoecium*). Petal atau mahkota bunga berjumlah tiga buah dan sepal atau kelopak bunga juga berjumlah tiga buah (Indraloka *et al.*, 2019). Bunga *Dendrobium* ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 1. *Dendrobium discolor* (Cutajar, 2024)

*Dendrobium* merupakan salah satu jenis anggrek yang memiliki daya tarik dan paling banyak diminati masyarakat diantara jenis anggrek lainnya. Hal tersebut karena anggrek ini memiliki ketahanan dan adaptasi yang tinggi terhadap lingkungan (Tuhuteru dkk., 2018). *Dendrobium* menjadi salah satu anggrek yang paling populer karena memiliki nilai estetika dan nilai komersial yang tinggi (Silva *et al.*, 2015). *Dendrobium* memiliki manfaat penting dalam bidang medis karena sifat terapeutiknya. *Dendrobium* menjadi jenis anggrek memiliki kandungan senyawa metabolit dan digunakan sebagai salah satu sumber pengobatan secara tradisional oleh masyarakat di Asia (Teoh, 2016). Beberapa penelitian mengidentifikasi peran kimiawi moscatilin

yang berasal dari batang anggrek spesies *Dendrobium* (Chen *et al.*, 2008). Jenis ini telah digunakan sebagai obat tradisional sebagai tonik untuk memelihara kesehatan perut, meningkatkan cairan tubuh, dan mengurangi demam. Moscatilin memiliki aktivitas sebagai antikanker terhadap berbagai jenis kanker, koriokarsinoma, kanker paru-paru, dan kanker perut, tetapi tidak efektif untuk kanker hati (Ho and Chen, 2003). Berdasarkan manfaat genus *Dendrobium* tersebut di atas, maka jumlah anggrek jenis genus *Dendrobium* sekitar 20 jenis mempunyai potensi juga sebagai bahan obat herbal. Salah satu jenis *Dendrobium* yang banyak terdapat di Kalimantan Tengah adalah *Dendrobium crumenatum* Sw. atau anggrek merpati yang mengandung kardenolin, flavonoid, dan polifenol dan pada bagian organ daun dapat digunakan untuk tapal pada bisul dan jerawat.

## 2.2 Karakter Morfologi

*Dendrobium* merupakan jenis anggrek alam yang menarik perhatian para penyilang untuk dirakit menjadi varietas baru. Anggrek *Dendrobium* di Indonesia banyak dijumpai di hutan dataran tinggi maupun dataran rendah. Namun, ragam jenis anggrek *Dendrobium* khususnya di Indonesia belum banyak dimanfaatkan dan studi tentang karakter morfologinya. Jumlah yang digunakan sebagai tetua silangan hanya sebagian kecil dari seluruh jenis anggrek *Dendrobium* spesies yang ada, karena terbatasnya pengetahuan mengenai karakter morfologi yang akan diturunkan. Pemilihan induk jantan dan betina yang akan disilangkan harus disertai dengan penguasaan karakter morfologi kedua induk termasuk sifat yang dominan seperti ukuran bunga, warna, dan bentuk bunga yang akan diturunkan kembali pada turunannya (Hartati dkk., 2022).

*Dendrobium* memiliki karakter berbeda dari yang lain karena memiliki bunga bibir dan sepal lateral. Dalam upaya identifikasi *Dendrobium* diperlukan mengetahui ciri khas atau keragaman yang dimiliki oleh tetua sebagai sumber sifat-sifat yang dimiliki. Identifikasi morfologi adalah proses penentuan ciri fenotip tumbuhan dengan mengamati morfologi batang, daun, bunga,

termasuk semua tumbuhan, dan memahami hubungan antar spesies. Salah satu cara yang dapat digunakan untuk mengetahui hubungan antar individu tumbuhan adalah dengan mengidentifikasi ciri-ciri masing-masing tumbuhan. Dalam proses identifikasi *Dendrobium* perlu dipahami informasi keragaman genetik tanaman pada tingkat individu spesies atau populasi sebagai dasar pertimbangan. Keragaman bunga anggrek bisa dilihat dari beragamnya warna, bentuk, serta ukuran dari bunga anggrek itu sendiri. Selain dilihat dari keanekaragaman bentuk serta ukuran bunga, keanekaragaman bunga juga bisa dilihat dari penyerbukan bunga itu sendiri (Moyroud and Glover 2017).

Karakterisasi merupakan sebuah cara yang digunakan untuk mengetahui karakter-karakter tanaman, baik itu kualitatif maupun secara kuantitatif. Perubahan sifat *Dendrobium* digunakan untuk mengidentifikasi faktor genetik mengenai morfologi. Waktu berbunga *Dendrobium* biasanya disebabkan oleh aktivitas protein dan perubahan ekspresi gen (Ghanbari *et al.*, 2019). Kajian karakteristik morfologi ini bertujuan untuk mengetahui karakteristik morfologi dan hubungan genetik *Dendrobium* di Indonesia. Informasi tentang hubungan antar spesies tersebut dapat dijadikan dasar dalam proses identifikasi spesies *Dendrobium*. Literatur yang mempresentasikan hasil studi mengenai anggrek masih sangat terbatas dan belum ada hasil penelitian terkait karakterisasi anggrek dari genus *Dendrobium* itu sendiri (Bhattacharyya *et al.*, 2015).

Menurut Miswarti *et al.* (2021), pengamatan morfologi yang dilakukan pada suatu tanaman meliputi bentuk pseudobulb, daun, bunga, buah, dan pola pertumbuhan dari tanaman tersebut yang kemudian diidentifikasi dengan menggunakan pedoman pengamatan anggrek. Selain dikarenakan sifat genetik turunan tetua, keragaman yang tinggi pada bagian bunga famili Orchidaceae dapat disebabkan pula oleh dua hal yaitu berupa seleksi alam serta proses adaptasi pada habitat aslinya dan penyebab dari luar dapat berupa induksi perubahan genetik yang memfasilitasi adanya evolusi. Banyak spesies *Dendrobium* lainnya memiliki karakteristik yang sama, yang menunjukkan

bahwa standar klasifikasi yang berguna untuk mengidentifikasi spesies *Dendrobium*.

Warna yang tampak pada bagian tanaman khususnya bunga disebabkan oleh pigmen yang dihasilkan tanaman. Menurut Zahara and Win (2019), *Dendrobium* merupakan tanaman yang memiliki varietas yang paling beragam, serta bunganya yang tahan lama dan indah. Secara umum pewarnaan bunga antara orange kemerah-hingga merah dipengaruhi antosianin dan karotenoid sebagaimana pada genus *Chrysanthemum* antara merah hingga ungu dipengaruhi antosianin, dan hijau hingga kuning dipengaruhi oleh klorofil. Petal yang berwarna intens atau cerah memiliki kadar antosianin yang tinggi sedangkan yang berwarna pucat memiliki jumlah kandungan klorofil tinggi. Menurut Hartati dan Darsana (2015) nilai kemiripan antar aksesi menunjukkan hubungan kekerabatan antar aksesi-aksesi yang diuji. Berdasarkan hasil dendrogram dari identifikasi karakter morfologi *Dendrobium* akan diketahui bahwa *Dendrobium* yang diamati memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan *Dendrobium* lainnya.

Salah satu studi yang dilakukan oleh De *et al.* (2015) yaitu analisis tentang hubungan genetik sekaligus pengelompokan dari 30 spesies *Dendrobium* sp. yang dilakukan di India. Semakin besar keragaman genetik akan meningkatkan efektivitas seleksi dalam upaya pemuliaan. Meski demikian, hasil studi maupun literatur tentang populasi anggrek yang ada pada saat ini masih sangat rendah (Bhattacharyya, 2014). Maka diperlukan studi untuk mengetahui karakter morfologi untuk mengetahui suatu spesies dari sebuah tanaman terutama *Dendrobium*. Selain itu menurut Hartati dan Darsana (2015) karakterisasi morfologi spesies *Dendrobium* diperlukan untuk pelestarian nutfah anggrek di Indonesia serta menyeleksi ragam plasma nutfah anggrek spesies yang memiliki sifat-sifat unggul untuk dijadikan tetua dalam hibridisasi atau persilangan. Identifikasi morfologi merupakan proses penting yang digunakan untuk mengetahui karakter fenotip dari suatu tanaman.

### 2.3. Karakter Anatomi

Anatomi adalah karakter penting dalam menunjang identifikasi dan klasifikasi anggrek (Rindyastuti *et al.*, 2018). Karakter anatomi juga menunjukkan bahwa terdapat hubungan antara *Dendrobium* dengan adaptasi terhadap lingkungannya. Anatomi juga memiliki ciri-ciri yang khas pada daun yang berbeda antar genus dalam satu familia. Karakter anatomi anggrek terdapat pada epidermis yang umumnya berbentuk polygonal memanjang, segienam, dan polygonal. Bentuk epidermis polygonal menyebabkan stomata tersebar secara beraturan dan tidak beraturan. Karakter anatomi yang terdapat pada stomata dapat ditemukan pada permukaan atas dan bawah atau hanya terdapat pada satu permukaan saja.

Karakteristik anatomi daun diamati sifat-sifat daun yang tampak secara mikroskopis dan dapat melalui proses pemotongan. Karakter anatomi dalam identifikasi *Dendrobium* dapat dilihat berdasarkan karakter epidermis dan stomata. Karakter epidermis meliputi bentuk sel epidermis dan tebal epidermis. Karakter stomata meliputi letak stomata, jumlah stomata, panjang dan lebar stomata. Persamaan dan perbedaan karakter morfologi dan anatomi disusun dengan memberi skor untuk menunjukkan besarnya nilai kekerabatan antar jenis (Khairani, 2020).

Rindyastuti *et al.* (2018) menjelaskan bahwa karakter anatomi *Dendrobium subulatum* menunjukkan bahwa konfigurasi stomata bersifat siklositik termasuk lebar stomata  $36,50 \pm 0,72 \mu\text{m}$  dan panjang stomata  $37,40 \pm 2,07 \mu\text{m}$ . Mahfut (2023) menunjukkan bahwa beberapa *Dendrobium* di Kebun Raya Liwa memiliki stomata pada permukaan atas dan bawah dan beberapa lainnya hanya pada permukaan bawah. Indeks stomata menunjukkan jumlah stomata dibagi jumlah stomata ditambah jumlah epidermis dan dikalikan 100%. Jenis stomata pada semua jenis sama yaitu tetrasitik berupa stomata yang dikelilingi oleh 4 sel yang berdekatan. Stomata berbentuk ginjal dan epidermis tidak beraturan, berbentuk pentagonal, dan heksagonal.

## 2.4. Karakter Molekuler

*Dendrobium* memiliki perbedaan yang menunjukkan keunikan atau ciri khas antara satu dengan yang lain diantaranya perbedaan dari segi morfologi.

Namun, penggunaan karakteristik morfologi untuk menentukan kekerabatan dianggap kurang tepat. Banyak perdebatan mengenai pengelompokan tersebut. Hal ini dikarenakan karakter morfologi tumbuhan sangat bervariasi. Kelemahan dari analisis hubungan kekerabatan berdasarkan morfologi adalah penanda ini sangat dipengaruhi oleh lingkungan (Farooq and Azam, 2002).

Penanda molekuler merupakan segmen DNA spesifik yang merepresentasikan perbedaan pada tingkat genom dan dinilai lebih akurat untuk mengungkap pola kekerabatan antar spesies. Metode yang digunakan dalam analisis molekuler adalah *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST), yaitu alat pencarian berbasis sekuens untuk membandingkan DNA atau protein terhadap basis data biologis yang luas untuk mengidentifikasi kesamaan genetik. Analisis ini umumnya dilakukan melalui platform *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) yang menyediakan akses ke berbagai database genomik dan alat bioinformatika. NCBI merupakan sebuah pusat di dalam Perpustakaan Kedokteran Nasional di *National Institutes of Health*, didirikan pada tahun 1988 untuk mengembangkan sistem informasi biologi molekuler (Sayers *et al.*, 2020).

Adanya keterbatasan karakteristik morfologi sehingga dibutuhkan karakter lain yang dapat mendukung sistematika anggrek yaitu karakter molekuler. Penanda molekuler merupakan segmen DNA tertentu yang mewakili perbedaan pada tingkat genom. Karena berkaitan dengan materi genetik, tingkat akurasi penanda molekuler lebih sesuai dalam menghasilkan pola kekerabatan. Karakterisasi keragaman genetik dan hubungan kekerabatan *Dendrobium* sangat penting untuk keberlanjutan konservasi dan meningkatkan kegunaan dari sumber genetik tanaman (Wang *et al.*, 2009).

Identifikasi spesies berbasis molekuler merupakan teknik baru dengan menggunakan sekuens. DNA dari fragmen genom yang dianggap cepat,

akurat, dan konsisten. Identifikasi dengan sekuens DNA dilakukan menggunakan penanda molekuler atau DNA *Barcode*. Gen tertentu dalam DNA *Barcode* berupa urutan sekuens pendek DNA yang dapat menunjukkan variasi genetik dalam suatu spesies dapat digunakan sebagai marka dalam pembagian genetik spesies dan rekonstruksi filogenetik (Chase *et al.*, 2003). Primer yang disarankan untuk DNA *Barcode* *Dendrobium* yaitu *Internal Transcribed Spacer* (ITS) (Hollingsworth *et al.*, 2011).

Perwitasari dkk. (2020) menjelaskan bahwa hubungan filogenetik berdasarkan ITS memiliki hasil yang baik. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik *Dendrobium* dengan menggunakan metode *Neighbour-joining tree* MEGA 7 menunjukkan bahwa *Dendrobium leonis* memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dengan *Dendrobium subulatum* karena membentuk satu percabangan. Pohon filogenetik yang disusun menunjukkan bahwa *Dendrobium cumulatum* tidak memiliki nenek moyang yang sama dengan spesies lainnya. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa spesies-spesies tersebut terbagi menjadi dua kelompok utama dengan dua nenek moyang yang berbeda.

Similaritas karakter antara spesies *Dendrobium macraei* dan *Dendrobium plicatile* memiliki nilai similaritas sangat tinggi yaitu 99%. Sedangkan hasil pohon filogenetik yang disusun menggunakan lokus ITS menunjukkan bahwa *Dendrobium indivisum* tidak memiliki nenek moyang yang sama dengan spesies lainnya. Walaupun keseluruhan spesies membentuk beberapa kelompok yang berbeda. Namun, untuk setiap grup lebih banyak diferensiasi dan subgrup yang terbentuk menunjukkan bahwa terdapat keragaman genetik yang terjadi di dalam spesies (Najihah *et al.*, 2017) dan kekerabatan antar spesies masih sangat dekat. Hal ini dikarenakan di dalam pohon filogenetik tersebut hanya membentuk subgrup.

Hasil penelitian Ramdhini dan Jannah (2021) menunjukkan bahwa rekonstruksi pohon filogenetik *Dendrobium* dengan primer ITS menggunakan *outgroup Renanthera matutina* dari famili Orchidaceae terbagi menjadi dua

klaster utama. Klaster I terdiri dari 8 jenis yaitu, *Dendrobium aphyllum*, *Dendrobium anosmum*, *Dendrobium aduncum*, *Dendrobium candidum*, *Dendrobium brymerianum*, *Dendrobium bellatulum*, *Dendrobium thyrsiflorum* dan *Dendrobium secundum*. Jenis-jenis ini bersatu yang didukung dengan nilai *bootstrap* 1000. Kemudian Klaster II terdiri dari 2 jenis yaitu, *Dendrobium nindii* dan *Dendrobium macrophyllum*. Dua jenis ini bersatu yang didukung dengan nilai *bootstrap* 91. Hasil analisis kekerabatan ini menunjukkan pengelompokan jenis *Dendrobium* berdasarkan kesamaan genetik.

## 2.5. Antivirus

Virus memiliki genom DNA atau RNA dan beberapa di antaranya memiliki selubung protein. Virus bergantung pada metabolisme inang dan lingkungan sekitarnya untuk bereproduksi dan terus bertahan hidup. Virus mengambil alih sistem intraseluler inang dan menyebar ke seluruh sel inang (Helenius, 2018). Salah satu metabolit sekunder yang berpotensi sebagai antivirus yaitu flavonoid. Flavonoid memiliki beberapa mekanisme fitokimia terhadap virus. Flavonoid dapat menghalangi penetrasi virus ke dalam sel inang, menghambat berbagai fase replikasi DNA virus, transkripsi protein, dan pemrosesan poliprotein (Ahmad *et al.*, 2015).

Roschek *et al.* (2009) menjelaskan bahwa flavonoid dapat menempel pada protein permukaan virus sehingga virus tidak dapat memasuki sel inang. Beberapa flavonoid bertindak sebagai penghambat transkripsi yang memengaruhi proses replikasi sementara dan menghambat tahap akhir siklus replikasi virus. Flavonoid juga dapat memodulasi sistem imun dan mengurangi jumlah virus.

Penggunaan antivirus herbal dapat berasal dari ekstrak suatu tanaman yang memiliki kandungan metabolit sekunder. Keunggulan antivirus herbal yaitu dapat menghambat replikasi virus atau inaktivasi virus secara langsung,

mengurangi resiko resistensi dan dapat digunakan dengan dosis relatif rendah, memiliki efek sinergis, serta memiliki efek samping kecil sehingga relatif aman digunakan.

## **2.6. Molecular Docking**

*Molecular docking* dan bioinformatika kini menjadi metode penting dalam penemuan obat. Keduanya membantu ilmuwan untuk menemukan kandidat obat baru dengan lebih cepat, akurat, dan hemat biaya. Bioinformatika adalah bidang interdisipliner yang menggabungkan biologi, ilmu komputer, dan matematika untuk menganalisis dan memahami data biologis yang kompleks dan dalam jumlah besar. Dalam biologi molekuler, bioinformatika digunakan untuk menganalisis sekuen DNA dan protein, memprediksi struktur biomolekul, dan memahami interaksi antar molekul. Bioinformatika juga berperan penting dalam menjelaskan mekanisme penyakit, menemukan target obat yang potensial, dan mengembangkan pengobatan yang lebih personal. Salah satu aplikasi penting dari bioinformatika dalam biologi molekuler adalah *molecular docking*. Penggabungan kedua pendekatan ini, penemuan obat dapat dilakukan lebih efisien, terarah, dan disesuaikan dengan kebutuhan pasien (Okpo *et al.*, 2024).

*Molecular docking* adalah suatu teknik berbasis komputer yang digunakan dalam bidang bioinformatika dan kimia komputasi untuk memprediksi secara tepat bagaimana suatu molekul kecil (ligan) berinteraksi dan berikatan dengan makromolekul target (reseptor), seperti protein atau enzim dengan memanfaatkan informasi struktur tiga dimensi dari kedua molekul tersebut melalui proses simulasi yang kompleks, sehingga dapat memberikan gambaran mengenai afinitas, posisi orientasi, serta potensi aktivitas biologis dari ligan terhadap reseptor target. *Molecular docking* merupakan salah satu metode yang digunakan untuk penemuan obat dan pengembangan obat. Metode ini dilakukan untuk menganalisis proses interaksi antara ligan dan reseptor dapat diprediksi dan dipahami secara lebih akurat (Cheke *et al.*, 2020). Tujuan dilakukannya penambatan (*docking*) adalah untuk mengetahui

konformasi dan energi bebas ikatan yang terlibat dalam interaksi antara reseptor dan ligan (Trott and Olson, 2010).

*Molecular docking* berperan penting dalam penemuan obat modern yang menawarkan pendekatan efisien dan hemat biaya untuk mengevaluasi interaksi antara molekul kecil dan target protein. Penyaringan virtual, dinamika molekuler, dan simulasi sistem biologis digunakan untuk mengoptimalkan proses pencarian dan pengujian senyawa dengan memprediksi afinitas pengikatan, mode interaksi, serta gerakan internal protein. Teknik ini memungkinkan pengembangan strategi terapi yang lebih efektif dan selektif dengan efek samping yang lebih rendah (Mandlik and Singh, 2016).

Interaksi antara ligan dan protein yang dianalisis melalui simulasi *docking* dapat mengidentifikasi protein esensial yang berperan dalam kelangsungan hidup dan virulensi virus. Informasi ini sangat berguna untuk menentukan prioritas target potensial dalam pengembangan intervensi obat. *Molecular docking* juga memainkan peran penting dalam proses identifikasi dan pemilihan target terapeutik, termasuk untuk antivirus (Hendrickx *et al.*, 2014). Pendekatan ini memungkinkan peneliti memprediksi afinitas pengikatan serta mekanisme interaksi antara molekul kecil dan protein target secara spesifik. Dengan memahami interaksi tersebut, peneliti dapat memprioritaskan dan memilih target terapeutik yang paling menjanjikan untuk diteliti lebih lanjut (Singh *et al.*, 2016).

*Molecular docking* membantu mengoptimalkan senyawa utama dengan memprediksi afinitas pengikatan dan mengeksplorasi modifikasi kimia melalui pendekatan perancangan obat berbasis struktur. Proses ini memungkinkan peningkatan potensi, selektivitas, dan sifat farmakokinetik senyawa. Simulasi *docking* iteratif juga memandu sintesis analog atau turunan dengan aktivitas penghambatan yang lebih baik (Das *et al.*, 2020).

Kemajuan dalam metode komputasi, ketersediaan struktur protein, dan pustaka senyawa telah mempercepat identifikasi inhibitor potensial.

*Molecular docking* terbukti efektif dalam penyaringan awal dan penentuan prioritas senyawa (Das *et al.*, 2020). Selain itu, teknik ini juga digunakan untuk mengevaluasi kembali obat-obatan yang telah disetujui dengan menilai afinitas pengikatannya terhadap protein target spesifik (Pandey *et al.*, 2015).

Penggunaan teknik komputasi tidak hanya mempercepat proses penemuan obat tetapi juga menawarkan alternatif yang hemat biaya untuk metode eksperimen tradisional (Hernandez *et al.*, 2021). Dengan mengurangi ketergantungan pada eksperimen laboratorium, pendekatan komputasi menyediakan cara yang berharga untuk menyaring perpustakaan senyawa besar dan memprioritaskan kandidat obat potensial untuk evaluasi lebih lanjut (Bhowmik *et al.*, 2021).

Teknik ini memungkinkan prediksi interaksi antara molekul kecil (ligan) dengan target biologis seperti protein atau enzim, terutama dalam menentukan orientasi terbaik dan posisi ligan saat berikatan dengan situs aktif protein. *Molecular docking* dapat memperkirakan kekuatan afinitas ligan terhadap reseptor serta mode ikatan yang terbentuk sehingga dapat diketahui potensi aktivitas biologis dari senyawa tersebut. Proses ini didasarkan pada prinsip bahwa semakin kuat dan stabil interaksi ligan dengan protein target maka semakin besar kemungkinan ligan tersebut memiliki aktivitas farmakologis yang signifikan (Meng *et al.*, 2011).

Senyawa metabolit sekunder yang memiliki potensi sebagai antiviral dapat dilakukan pengidentifikasiannya melalui pendekatan *in silico* dengan menggunakan *molecular docking*. *Molecular docking* berdasarkan skor *docking* yang dihitung menggunakan AutoDock Vina (AV) sebagai *docking engine* berhasil memetakan kompleks protein dan ligan. Salah satu perangkat lunak yang sering digunakan dalam *molecular docking* adalah AutoDock dan AutoDock Vina yang menyediakan pendekatan fleksibel untuk ligan dan reseptor, serta dilengkapi dengan fungsi penilaian yang efisien (Trott and

Olson, 2010). Selain itu, visualisasi hasil *docking* dapat dilakukan menggunakan perangkat lunak seperti PyMOL atau *Discovery Studio*, yang mempermudah analisis interaksi molekul pada tingkat atom.

Pada tahap persiapan struktur, ligan dan protein target harus disiapkan dalam format yang sesuai. Struktur protein umumnya diambil dari database seperti *Protein Data Bank* (PDB), lalu dilakukan pembersihan struktur, seperti menghapus molekul air dan ion, serta menambahkan hidrogen polar. Sementara itu, ligan dapat diperoleh dari basis data senyawa atau digambar secara manual menggunakan perangkat lunak kimia seperti ChemSketch atau MarvinSketch, kemudian dilakukan optimasi struktur (Meng *et al.*, 2011).

Analisis hasil *docking* terjadi ketika interaksi ligan dan protein dianalisis lebih lanjut, baik secara kuantitatif berdasarkan nilai *binding affinity*, maupun secara kualitatif dengan mengamati jenis interaksi yang terbentuk, seperti ikatan hidrogen, interaksi hidrofobik, dan ikatan elektrostatik. Visualisasi hasil *docking* biasanya dilakukan menggunakan perangkat lunak seperti PyMOL atau *Discovery Studio*. Analisis ini penting untuk menentukan apakah ligan tersebut memiliki potensi sebagai kandidat obat (Trott and Olson, 2010).

Nilai energi ikatan (*binding energy*) atau *binding affinity* digunakan sebagai indikator utama untuk menilai kestabilan kompleks. Semakin rendah (lebih negatif) nilai energi ikatan, semakin kuat dan stabil interaksi yang terbentuk antara ligan dan protein (Trott and Olson, 2010). Nilai ini biasanya diperoleh dari fungsi penilaian (*scoring function*) pada perangkat lunak seperti AutoDock Vina. Dalam konteks virtual screening, senyawa dengan nilai energi paling rendah diprioritaskan untuk dianalisis lebih lanjut atau diuji secara eksperimental (Kitchen *et al.*, 2004).

Selain itu, analisis visual interaksi juga penting untuk memahami hubungan struktur dan aktivitas. Interaksi yang umum dianalisis mencakup ikatan hidrogen dan interaksi hidrofobik. Alat bantu visualisasi seperti *Discovery Studio*, PyMOL, dan LigPlot+ sering digunakan untuk menggambarkan dan

mengevaluasi interaksi ini. Keberadaan ikatan hidrogen dengan residu kunci pada situs aktif target sering diinterpretasikan sebagai indikator bahwa ligan memiliki afinitas dan selektivitas tinggi (Morris and Lim, 2008).

*Molecular docking* dapat digunakan untuk memprediksi bagaimana protein (reseptor) berinteraksi dengan senyawa (ligan) (Tallei *et al.*, 2020). *Docking* dapat mengidentifikasi suatu senyawa baru untuk kepentingan dalam bidang terapeutik, memungkinkan untuk memprediksi interaksi antara protein target dan ligan pada tingkat molekuler serta menggambarkan hubungan antara struktur dan aktivitas. Pemanfaatan studi *molecular docking* memungkinkan dalam mengurangi biaya dan meningkatkan peluang untuk menemukan kandidat obat baru yang diinginkan, sehingga penemuan obat baru dapat dilakukan lebih efisien (Pinzi and Rostelli, 2019).

Oleh karena itu, *molecular docking* menjadi langkah awal penting dalam skrining virtual senyawa potensial obat sebelum dilakukan pengujian lebih lanjut melalui studi *in vitro* maupun *in vivo*. Teknik ini tidak hanya efisien secara waktu dan biaya, tetapi juga memberikan wawasan struktural mengenai interaksi molekul pada tingkat atomik.

### III. METODE PENELITIAN

### 3.1. Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada Juni-Desember 2024. Survei dan koleksi sampel dilakukan di Kebun Raya Liwa, Way Mengaku, Kecamatan Balik Bukit, Lampung Barat. Analisis karakter morfologi dan karakter anatomi *Dendrobium* dilakukan di Laboratorium Botani, FMIPA, Universitas Lampung. Selanjutnya sekvensing dikirim ke perusahaan 1<sup>st</sup> Base Company Malaysia melalui PT Genetika Science Indonesia. Analisis sekvensing dilakukan di Laboratorium Biomolekuler, FMIPA, Universitas Lampung. Analisis Molecular Docking dilakukan di Lab Ilmu Komputer, FMIPA, Universitas Lampung.

Tabel 1. *Gantt chart* waktu penelitian

### 3.2. Alat dan Bahan

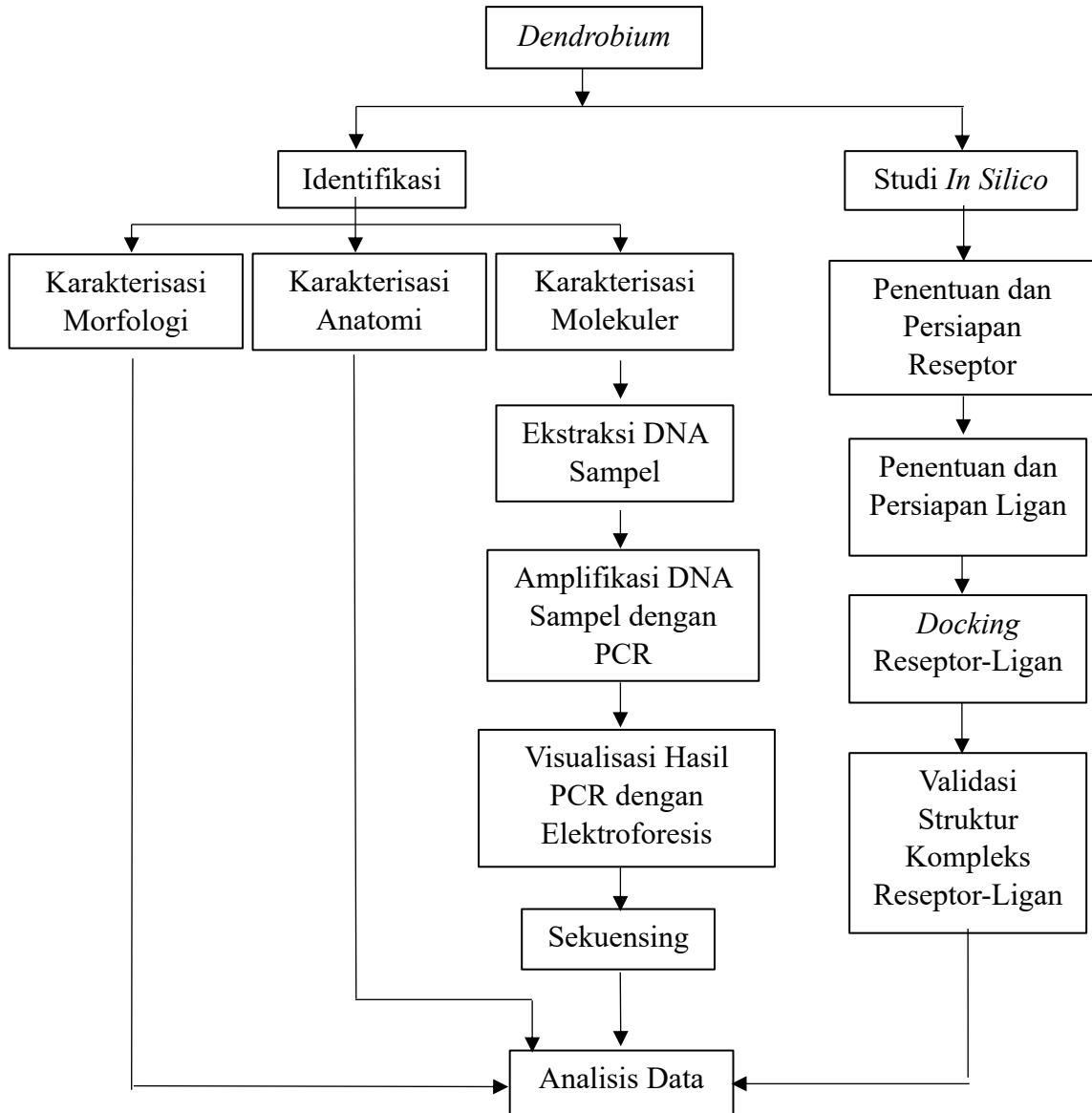
Penelitian ini dilakukan dengan 5 tahapan yaitu survei dan koleksi sampel, karakterisasi morfologi, karakterisasi anatomi, karakterisasi molekuler, dan *molecular docking*. Pada survei dan koleksi sampel menggunakan alat yang meliputi plastik klip, *silica gel*, pena, label, *ice box* dan kamera sedangkan bahan yang digunakan adalah 19 aksesori *Dendrobium* koleksi di Kebun Raya Liwa. Pada karakterisasi morfologi menggunakan alat yaitu penggaris, kamera, dan alat tulis serta bahan yang digunakan adalah *Dendrobium*. Pada karakterisasi anatomi menggunakan alat mikroskop, *object glass*, *cover glass*, pinset, dan cawan petri sedangkan bahan yang digunakan yaitu *Dendrobium*, cat kuku bening, alkohol 70%, dan safranin. Karakter morfologi dan anatomi menggunakan aplikasi MVSP.

Karakterisasi molekuler menggunakan alat *refrigerator*, timbangan analitik, *mortar* dan *pesel*, mikropipet 0,5  $\mu$ l- 10  $\mu$ l, mikropipet 10  $\mu$ l-100  $\mu$ l, mikropipet 100  $\mu$ l-1000  $\mu$ l, pipet tip (*blue tip*, *yellow tip*, dan *white tip*), tabung mikrosentrifus, tube (1,5 ml dan 0,2 ml), mesin sentrifus, vortex, *rotamixer*, *waterbath*, gelas ukur 20 ml, Erlenmeyer 100 ml, *microwave*, kotak kecil agar elektroforesis, sisir kecil agar elektroforesis, cetakan kecil agar elektroforesis, mesin PCR, *freezer*, *gel doc*, *spin down centrifuge*, parafilm, perangkat lunak program MEGA 12 sedangkan bahan yang digunakan yaitu *Dendrobium*, Aquades Steril, *Buffer Tris-Acetate EDTA* (TAE) 1x, CTAB, *Buffer Jamur*, *Isopropanol*, *Phenol*, *Chloroform*, *Isoamyl Alcohol* (PCI), *Chloroform*, *Isoamyl Alcohol* (CI), DNA Ladder 1 kb (Geneaid), Gel Agarosa Konsentrasi 1% (Vivantis), Gel Red<sup>TM</sup> Nucleic Acid 10,000x In Water (Biotium), Kloroform, PCR Mix May Taq<sup>TM</sup> HS Red (Meridian Bioscience), Primer ITS 1 (Forward) dan ITS 2 (Reverse), kertas tisu, *aluminium foil*, dan *gloves*.

Pada *molecular docking* menggunakan laptop dengan Perangkat Lunak PyMOL, Perangkat Lunak Pyrx berbasis Autodock Vina, Open Babel 2.4.1, dan *Discovery Studio Visualizer* serta menggunakan Situs PubChem, Situs SwissAdme, Situs RCSB, Situs Swiss Model. Senyawa *Dendrobium* yang digunakan yaitu *Medioresinol*, *Nobilin E*, *Lirioresinol B*, *Denthrysinin*, *Naringenin*, *Dendrocandin*, dan *Acanthoside*. Protein antivirus yang digunakan yaitu 7X6L dan 6LU7.

### 3.3. Rancangan Penelitian

Secara ringkas rancangan penelitian ditampilkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Diagram alir penelitian

### 3.4. Prosedur Penelitian

#### 3.4.1. Survei dan Koleksi Sampel

Pengambilan sampel dilakukan dengan mengoleksi 19 *Dendrobium* koleksi Kebun Raya Liwa, Way Mengaku, Kecamatan Balik Bukit, Lampung Barat. Daun *Dendrobium* diambil sebanyak 1-2 helai kemudian dimasukkan ke dalam plastik klip yang sudah diberi *silica gel* dan disimpan dalam *box* sampel kemudian disimpan di *freezer* pada suhu -20°.

#### 3.4.2. Karakterisasi Morfologi

Penelitian ini menggunakan metode pengamatan langsung mengamati bagian-bagian tanaman secara kuantitatif dan kualitatif. Karakteristik morfologis daun yang diamati berupa sifat-sifat daun yang tampak secara makroskopis. Karakter morfologis berupa karakter daun meliputi bentuk daun, bentuk ujung daun, penampang melintang daun, susunan daun, bentuk tepi daun, tekstur permukaan daun, simetri daun, duduk daun, tipe pseudobulb daun, sapur taji, bentuk bunga, bentuk sepal dorsal, bentuk ujung petal, lekak lekuk labellum, posisi pembungaan, jumlah polinia, corak sepal dorsal, corak sepal lateral, corak petal, penampang melintang pseudobulb dan aroma bunga. Karakter morfologi daun *Dendrobium* sp. disajikan dalam Tabel 2.

Tabel 2. Karakterisasi *Dendrobium* berdasarkan morfologi daun (Hartati dan Darsana, 2015).

No.	Karakter	Skor
1	Bentuk daun	1=berbentuk jarum/2=berbentuk pita/lurus/3=lonjong/4=jorong atau bujur sangkar/5=berbentuk sendok/6=berbentuk lanset atau mata leming/7=berbentuk lanset sungsang atau kebalikan lanset/8=bulat telur/9=bulat telur sungsang/10=berbentuk sekop/11=berbentuk jantung/12=segitiga/13=berbentuk panah/14=mata tombak

2	Bentuk ujung daun	1=lancip atau menajam keujung/2=meruncing dengan sisi-sisi yang tajam/3=berujung runcing/ 4=berujung sutih dangkal bertulang runcing/5=tumpul/6=bentuk pepat atau memotong/7=romping atau tumpul bertakik sedikit/8=terkoyak, ujung membelah/9=bergigi tiga/10=bergerigi/11=berbentuk sikat/12=berekor
3	Penampang melintang daun	1=menggalah/2=zigomorf atau tipe simetri ditekan/ 3=berlipatan/4=tidak rangkap
4	Susunan daun	1=tergulung bersama/2=rangkap
5	Bentuk tepi daun	1=mengutuh/2=mengombak/3=berliuk/4=menyudut atau bersegi/5=beringgitan/6=terkerkah/7=bergerigi/ 8=menggergaji/9=menggergaji ganda/10=berjumbai/ 11=kelijak,seperti bulu mata/12=mengeriting
6	Tekstur permukaan daun	1=gundul/2=meroma(tertutup bulu-bulu halus jarang-jarang)/3=memisai(tertutup bulu-bulu panjang yang agak kaku)/4=mengewol/5=menepung/6=berbingkahan (permukaan tidak teratur)7=berkerut/8=berpapil
7	Simetri daun	1=simetri/2= tidak simetri
8	Duduk daun	1=rapat/2=berselang-seling
9	Tipe pertumbuhan	1=monopodial/2=simpodial
10	Spur taji	1=ada/2=tidak ada
11	Bentuk bunga	1=bintang/2=bulat
12	Bentuk sepal dorsal	1=bulat telur/2=lembing/3=oval/4=berujung utuh dangkal bertulang runcing/5=lonjong/6=mata lembing
13	Bentuk ujung petal	1=lancip/2=berujung tajam/3=meruncing/4=sikat/5=tak punya petal/6=oval/7=lurus
14	Bentuk petal	1=lurus/2=tak punya petal/3=lancip
15	Letak lekuk labelum	1=diujung
16	Posisi pembungaan	1=pucuk/2=ketiak daun/3=pangkal
17	Jumlah polinia	1=4/2=2

18	Corak sepal dorsal	1=bercorak dan bergaris/2=bercorak/3=merata
19	Corak sepal lateral	1=merata/2=bercorak/3=bertepi dan bergaris
20	Corak petal	1=berbintik/2=bercorak/3=merta
21	Aroma bunga	1=beraroma/2=tidak beraroma
22	Penampang melintang pseudobulb	1=tidak punya pseudobulb/2=bulat/3=oval

### 3.4.3. Karakterisasi Anatomi

Karakteristik anatomis daun diamati berdasarkan karakter daun yang tampak secara mikroskopis dan melalui proses pemotongan. Karakter anatomis daun yang diamati meliputi panjang stomata, lebar stomata, lebar bukaan stomata, kerapatan stomata, dan indeks stomata.

Persamaan dan perbedaan karakter morfologis dan anatomis disusun dengan memberi skor untuk menunjukkan besarnya nilai kekerabatan antar jenis (Arif dan Ratnawati, 2018).

Pengamatan stomata dilakukan dengan membuat sediaan mikroskopis berupa sayatan pada daun. Pembuatan preparat segar daun dengan teknik replika menggunakan cat kuku bening. Langkah awal yang dilakukan yaitu mengambil bagian daun, dibersihkan permukaannya dengan menggunakan *tissue* untuk menghilangkan debu dan kotoran dan direndam beberapa menit menggunakan alkohol 70%, lalu permukaan daun bagian bawah (abaxial) disayat tipis kemudian diletakkan di *object glass*. Selanjutnya, diwarnai dengan safranin dan diolesi cat kuku bening, kemudian ditutupi dengan *cover glass*. Lalu, preparat diamati di bawah mikroskop dengan perbesaran 40x dan 100x dan preparat difoto menggunakan kamera (Prastika dkk., 2023).

Adapun rumus perhitungan kerapatan stomata (Suhaimi, 2017) dapat dihitung dengan Persamaan 1.

$$\text{Kerapatan Stomata (mm}^2\text{)} = \frac{\text{Rata-Rata Stomata}}{\text{Luas Bidang Pandang}} \quad (1)$$

Untuk mengukur kerapatan stomata, bidang pandang yang digunakan pada perbesaran 100x dengan luas bidang pandang ( $L=0,5 \text{ mm}^2$ ).

Kerapatan stomata dihitung dengan membagi jumlah stomata yang teramat pada bidang pandang dengan luas bidang pandang tersebut.

Dalam pengamatan ini, luas bidang pandang yang digunakan sebesar  $0,5 \text{ mm}^2$ , sesuai dengan diameter lingkaran pandang mikroskop pada perbesaran yang digunakan. Jumlah stomata yang terhitung kemudian dibagi dengan luas bidang pandang untuk mendapatkan kerapatan stomata dalam satuan stomata per milimeter persegi (stomata/ $\text{mm}^2$ ).

Sedangkan rumus perhitungan indeks stomata (Tambaru, 2015) dapat dihitung dengan Persamaan 2.

$$\text{Indeks Stomata (\mu m)} = \frac{\text{Jumlah Stomata}}{\text{Jumlah Sel Epidermis} + \text{Jumlah Stomata}} \times 100\% \quad (2)$$

### 3.4.4. Karakter Molekuler

#### 3.4.4.1. Ekstraksi DNA Sampel

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan protokol *Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB) untuk mendapatkan DNA dari sampel daun *Dendrobium*. Sampel daun segar ditimbang sebanyak 0,1 gram lalu sampel ditambah dengan 700  $\mu\text{l}$  *Buffer* dihaluskan dengan *mortar* dan *pestle* hingga kemudian diinkubasi selama 24 jam di *freezer* dengan suhu  $-20^\circ$ .

Setelah diinkubasi, sampel dihaluskan kembali selama 15 menit dan ditambahkan 300  $\mu\text{l}$  *Buffer*. Setelah sampel tersuspensi merata, selanjutnya dimasukkan dalam tube 1,5ml sebanyak 0,5ml dan ditambahkan CTAB 2% sebanyak 400  $\mu\text{l}$  dan di *waterbath* pada suhu  $65^\circ\text{C}$  selama 1 jam. Setelah itu *Phenol*,

*Chloroform, Isoamyl alcohol* (PCI) ditambahkan sebanyak 500  $\mu$ l lalu dihomogenkan kemudian disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 10 menit. Setelah disentrifugasi terbagi menjadi dua larutan, larutan atas yang bening diambil sebanyak 600  $\mu$ l lalu dipindahkan kedalam tabung mikrosentrifus 1,5 ml yang baru lalu ditambahkan *Chloroform Isoamyl Alcohol* (CI) sebanyak 600  $\mu$ l lalu dihomogenkan kemudian disentrifugasi kembali pada kecepatan 14.000 rpm selama 10 menit.

Selanjutnya diambil larutan bagian atasnya sebanyak 400  $\mu$ l dan dipindahkan ke tabung mikrosentrifus 1,5 ml yang baru, ditambahkan *Isopropanol* dingin dengan volume 400  $\mu$ l, dicampur dan dihomogenkan agar merata. Larutan tersebut diinkubasi pada suhu -20°C selama 20 menit, kemudian disentrifugasi kembali dengan kecepatan 14.000 rpm selama 10 menit untuk mendapatkan *pellet* dan supernatannya dibuang. *Pellet* ditambahkan alkohol 70% sebanyak 500  $\mu$ l, disentrifugasi dengan kecepatan 14.000 rpm selama 5 menit. Kemudian supernatant dibuang dan *pellet* yang didapatkan dikering anginkan selama 1-2 hari, selanjutnya natan ditambahkan 20  $\mu$ l larutan *Buffer TE* 1x.

#### 3.4.4.2. Uji Kuantitatif Ekstraksi DNA

Pengujian hasil ekstraksi DNA secara kuantitatif mengikuti Farmawati dkk. (2015). Tahap ini digunakan untuk mendeteksi kemurnian DNA dengan spektrofotometer UV-Vis. Hasil ekstraksi dianalisis menggunakan dua panjang gelombang yang berbeda yaitu pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm dan digunakan blanko sebagai larutan pembanding berupa aquades kemudian akan diperoleh nilai absorbansi. Nilai absorbansi hasil ekstraksi panjang gelombang 260 nm dibandingkan dengan

panjang gelombang 280 nm sehingga didapatkan rasio Absorbansi  $\lambda$  260/Absorbansi  $\lambda$  280.

#### 3.4.4.3. Amplifikasi DNA dengan Polymerase Chain Reaction (PCR)

Komposisi reaktan PCR untuk satu kali reaksi amplifikasi DNA mengikuti *MyTaq<sup>TM</sup> Red Mix Meridian Bioscience* ditampilkan pada Tabel 3.

Tabel 3. Komposisi reaktan PCR untuk satu kali reaksi amplifikasi DNA.

Komponen	Volume
<i>Redmix</i>	12,5 $\mu$ l
Aquades steril	9,5 $\mu$ l
<i>Forward primer</i>	1 $\mu$ l
<i>Reverse primer</i>	1 $\mu$ l
<i>DNA template</i>	1 $\mu$ l

Sekuens spesifik primer yang digunakan dalam proses amplifikasi *Dendrobium* ditampilkan pada Tabel 4.

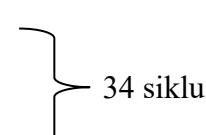
Tabel 4. Sekuens spesifik primer (Maulidya dkk., 2020)

Primer	Sekuens nukleotida (5'-3')	Ukuran produk
ITS1-F (5'GGCTCTCGCATCGATGAAGA-3')		300-500
ITS2-R (5'TAGAATTCCCCGGTTCGCTGCCGTTAC-3')		bp

Proses amplifikasi dilakukan selama 34 siklus mengikuti metode dari *MyTaq<sup>TM</sup> Red Mix Meridian Bioscience* ditampilkan pada Tabel 5.

Tabel 5. Optimasi suhu dan waktu untuk reaksi PCR.

Tahapan reaksi	Optimasi suhu dan waktu
<i>Predenaturasi</i>	95 <sup>o</sup> C selama 3 menit
Denaturasi	95 <sup>o</sup> C selama 1 menit
<i>Annealing</i>	45 <sup>o</sup> C selama 1 menit
<i>Extension</i>	72 <sup>o</sup> C selama 1 menit



#### 3.4.4.4. Visualisasi Hasil PCR dengan Elektroforesis

Hasil sampel yang telah diamplifikasi dengan metode PCR divisualisasikan dengan menggunakan elektroforesis. Visualisasi dilakukan dengan melarutkan 0,1 gr agarosa ke dalam 20 ml *Buffer Tris-Borate EDTA* (TBE) kemudian dipanaskan dalam *microwave* selama ± 1-2 menit sampai larut. Setelah itu, larutan agarosa didinginkan selama 1 menit lalu ditambah 1  $\mu$ l *Ethidium bromide* (EtBr) dan dihomogenkan. Selanjutnya larutan dituang ke dalam kotak cetakan agar elektroforesis yang telah diletakkan sisir untuk membuat sumuran dan didiamkan selama ± 45 menit hingga memadat. Setelah memadat, sisir diangkat kemudian agar yang telah memadat dimasukkan ke dalam kotak alat elektroforesis.

Sumuran yang terdapat pada agar diisi dengan DNA template sebanyak 3  $\mu$ l dan dicampur dengan 1  $\mu$ l loading dye, kemudian dimasukkan ke dalam agar pada setiap sumur. Pada sumur pertama dimasukkan 3  $\mu$ l marker DNA *ladder* sebagai penanda ukuran DNA agar dapat membandingkan hasil pita DNA. Elektroforesis dilakukan selama 45 menit dengan tegangan 50 V. Elektroforesis divisualisasikan dengan menggunakan *DigiDoc Imaging System (Major Science)*.

#### 3.4.4.5. Sekuensing

Hasil PCR dikirim menggunakan jasa PT Genetika Science Indonesia ke 1st Base Company di Malaysia untuk dilakukan peruntutan basa nukleotida (Mahfut *et al.*, 2020).

### **3.4.5. Molecular Docking**

#### **3.4.5.1. Penentuan dan Persiapan Protein**

Domain makro antivirus yang dipilih reseptor memiliki struktur tiga dimensi (3D). Protein yang digunakan yaitu 7X6L dan 6LU7 dari Protein Data Bank (<http://www.rcsb.org/pdb>) dan disimpan dalam format FASTA *sequences*. Kemudian format FASTA tersebut disalin dan dipindahkan ke laman (<https://swissmodel.expasy.org/>) untuk mengambil struktur protein yang terbentuk dan disimpan dalam format pdb. Molekul air yang masih menempel pada protein dihilangkan menggunakan PyMol versi 2.4.1. kemudian disimpan dengan format pdb (Perdana dan Permana, 2021).

#### **3.4.5.2. Penentuan dan Persiapan Ligan**

Pemilihan senyawa sebagai ligan yang digunakan pada proses *docking* dilakukan berdasarkan studi literatur dan diambil dari situs PubChem (<http://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov>). Ligan yang digunakan yaitu *Medioresinol*, *Nobilin E*, *Lirioresinol B*, *Denthrysinin*, *Naringenin*, *Dendrocandin*, dan *Acanthoside*. Struktur 3D ligan diambil dari situs PubChem (<http://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov>). File ligan diunduh kemudian disimpan dalam format sdf dan disimpan kode SMILES kedalam notepad untuk mengambil bentuk senyawa pada perangkat lunak SwissAdme (Perdana dan Permana, 2021).

### 3.4.5.3. Docking Protein dan Ligan

Prosedur penambatan molekul ligan dan protein dilakukan menggunakan perangkat lunak Pyrx berbasis Autodock Vina, dan Open Babel 2.4.1. Hasil penambatan yang diperoleh berupa *binding affinity* (kcal/mol) dan hasil *docking* (Perdana dan Permana, 2021).

### 3.4.5.3. Validasi Struktur Kompleks Reseptor-Ligan

Validasi struktur kompleks reseptor ligan dilakukan menggunakan PyMol versi 2.4.1 dengan memasukkan file protein dan ligan. Visualisasi hasil *docking* menggambarkan residu asam amino, proses dilanjutkan dengan perangkat lunak *Discovery Studio Visualizer* (Perdana dan Permana, 2021).

## 3.5. Analisis Data

Data hasil pengamatan pada setiap variabel dianalisis secara deskriptif naratif pada setiap variabelnya untuk menjelaskan karakter morfologis dan anatomi pada jenis *Dendrobium*. Data morfologi dan anatomi yang berasal dari masing-masing tanaman kemudian diolah dengan menggunakan metode indeks similaritas. Indeks similaritas digunakan untuk untuk mengukur tingkat kemiripan antar individu atau antar spesies. Indeks similaritas digunakan untuk menghitung seberapa banyak karakter yang sama atau berbeda antara dua sampel, memberikan nilai kuantitatif tentang kedekatan fenetik antar spesies.

Selanjutnya, untuk mengetahui pola hubungan atau kekerabatan antara sampel tanaman dilakukan analisis pengelompokan sampel tanaman menggunakan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA). UPGMA adalah metode aglomeratif yang membangun dendrogram (pohon kekerabatan) berdasarkan matriks similaritas atau

disimilaritas. Hasil dari analisis ini disajikan dalam bentuk dendrogram sehingga dapat diketahui keragaman morfologi *Dendrobium* (Hartati *et al.*, 2022).

Selain analisis pengelompokan, *Principal Component Analysis* (PCA) juga dapat diterapkan. PCA adalah teknik reduksi dimensi yang berguna untuk menyederhanakan data set besar karakteristik morfologi dan anatomi sehingga memudahkan interpretasi pola-pola variasi antar spesimen *Dendrobium*. PCA mengidentifikasi komponen utama (variabel baru yang tidak berkorelasi) yang menjelaskan sebagian besar variasi dalam data. Dengan demikian, PCA membantu dalam mengidentifikasi karakter morfologi dan anatomi yang paling berkontribusi terhadap perbedaan antar spesies *Dendrobium*, serta memvisualisasikan pola pengelompokan sampel. Data karakteristik morfologi dan anatomi dilakukan dengan menentukan hubungan kekerabatan tanaman dari *Dendrobium* dilakukan dengan dianalisis menggunakan *software* aplikasi MVSP 3.22 (Arif dan Ratnawati, 2018).

Data molekuler didapatkan dari hasil sekvens sampel dimasukkan ke dalam *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) pada *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) untuk dipilih beberapa isolat yang memiliki kekerabatan yang tinggi dengan sekvens sampel uji sekvens nukleotida dari *Dendrobium* yang telah diketahui sebagai pembanding. Sekvens sampel uji dan beberapa sekvens yang telah dipilih melalui NCBI tersebut kemudian dilakukan *multiple sequence alignment* menggunakan *Clustal W* pada perangkat *BioEdit*. Proses *alignment* ini bertujuan untuk menyelaraskan urutan nukleotida sehingga dapat mengidentifikasi posisi homolog dan perbedaan antar sekvens, yang menjadi dasar perhitungan jarak genetik antar sampel. Jarak genetik dihitung berdasarkan jumlah perbedaan nukleotida antar sekvens yang sudah ter-align, yang mencerminkan tingkat evolusi dan kekerabatan antar sampel. Semakin kecil jarak genetik maka semakin dekat hubungan kekerabatan antara sekvens tersebut.

Hubungan kekerabatan sampel uji tanaman *Dendrobium* dan beberapa sekvens yang telah dipilih akan divisualisasikan dalam pohon filogenetik

menggunakan program MEGA 12. Keakuratan cabang pada pohon filogenetik diuji menggunakan analisis *bootstrap* dengan 1000 replikasi. Analisis *bootstrap* memberikan nilai dukungan statistik terhadap tiap cabang pohon, sehingga dapat memperkuat kesimpulan mengenai hubungan filogenetik antar sampel (Mahfut *et al.*, 2020).

*Molecular docking* menggunakan aturan Lipinski atau Lipinski's *Rule of Five* digunakan sebagai pedoman untuk menilai kelayakan senyawa sebagai kandidat obat. Aturan ini menyatakan bahwa suatu senyawa cenderung memiliki permeabilitas dan bioavailabilitas yang baik jika memenuhi kriteria yaitu memiliki tidak lebih dari 5 donor ikatan hidrogen (seperti gugus -OH atau -NH), tidak lebih dari 10 akseptor ikatan hidrogen (seperti atom oksigen atau nitrogen), berat molekul kurang dari 500 Dalton, dan Log P (koefisien partisi oktanol-air) kurang dari 5. Data senyawa yang dianalisis akan dievaluasi berdasarkan kriteria ini untuk menyaring molekul yang kemungkinan besar memiliki sifat farmakokinetik yang menguntungkan (Kinasih dkk., 2022).

Validasi metode *docking* dilakukan untuk menemukan konformasi ligan yang paling stabil saat berinteraksi dengan situs aktif protein. Proses validasi ini menggunakan bentuk 3D protein yang sudah terikat ligan. *Docking* dilakukan dengan kondisi ligan fleksibel, memungkinkan struktur ligan menyesuaikan diri agar interaksi dengan protein optimal. Parameter utama yang diamati adalah *binding affinity*, dengan konformasi terbaik ditandai oleh nilai energi ikatan terendah. Semakin besar (lebih negatif) nilai *binding affinity* menunjukkan tingkat kestabilan yang baik antara ligan dan protein sehingga ikatan yang terbentuk akan semakin kuat. Visualisasi hasil *docking* akan mengidentifikasi residu asam amino yang berperan penting dengan interaksi paling banyak terhadap ligan (Kinasih *et al.*, 2022).

## V. KESIMPULAN DAN SARAN

### 5.1. Kesimpulan

Berdasarkan penelitian dan analisis data yang telah dilakukan dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut.

1. Terdapat kesamaan dan perbedaan yang ditunjukkan sampel *Dendrobium* dari D1 hingga D19. Analisis karakter morfologi tanaman *Dendrobium* dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik vegetatif seperti daun dan pseudobulb serta karakteristik generatif seperti bunga.
2. Berdasarkan analisis anatomi terdapat hubungan kekerabatan berdasarkan fenotip dari seluruh sampel yang dibuktikan dengan hasil dendrogram yang dibentuk dari kesamaan karakter anatomi stomata meliputi luas stomata, lebar bukaan stomata, kerapatan dan indeks stomata.
3. Hasil sekuensing pada D15, D18, dan D19 memiliki kekerabatan dekat dengan *Dendrobium auyongii* asal Jepang, *Dendrobium aloifolium* asal Australia, *Dendrobium aloifolium* asal Vietnam, *Dendrobium exile* asal China, dan *Dendrobium rosellum* asal Jepang sedangkan D7, D11, dan D12 memiliki kekerabatan dekat dengan *Dendrobium crumenatum* asal Jepang dan Srilanka.
4. Analisis *molecular docking* menunjukkan ligan yang dideteksi memiliki interaksi dengan afinitas tinggi pada protein target. Ligan yang memiliki peluang tertinggi untuk berikatan dengan 7X6L yaitu *Medioresinol* dan *Naringenin*. Ligan yang memiliki peluang tertinggi untuk berikatan dengan 6LU7 (Mpro) yaitu *Medioresinol*, *Liriresinol B*, dan *Denthrysinin* yang berpotensi untuk dijadikan sebagai antivirus.

## 5.2. Saran

Penelitian ini telah mengidentifikasi beberapa senyawa bioaktif dari *Dendrobium* yang menunjukkan afinitas tinggi terhadap protein target berdasarkan hasil *molecular docking*. Namun, pendekatan ini bersifat statis dan hanya menggambarkan kondisi ikatan dalam satu titik waktu, sehingga belum mengetahui kondisi biologis yang dinamis. Oleh karena itu, disarankan untuk melakukan analisis *molecular dynamics* (MD) agar dapat memvalidasi dan mengevaluasi stabilitas kompleks ligan protein secara lebih realistik dalam lingkungan simulasi yang menyerupai kondisi fisiologis. Simulasi *molecular dynamics* dapat memberikan informasi penting seperti perubahan konformasi, fluktuasi struktural, fleksibilitas sisi aktif, energi ikatan selama waktu tertentu, serta parameter stabilitas lainnya. Dengan demikian, penggunaan MD akan memperkuat bukti bahwa senyawa yang diidentifikasi benar-benar memiliki potensi sebagai kandidat antivirus yang efektif dan stabil pada kondisi biologis.

## DAFTAR PUSTAKA

- Abdelhafez, O. H., Othman, E. M., Fahim, J. R., Desoukey, S. Y., Pimentel-Elardo, S. M., Nodwell, J. R., Schirmeister, T., Tawfike, A., and Abdelmohsen, U. R. 2020. Metabolomics analysis and biological investigation of three Malvaceae plants. *Phytochemical analysis*. 31 (2): 204-214.
- Adebisi, M. A., Okelola, F. S., Ajala, M. O., Kehinde, T. O., Daniel, I. O., and Ajani, O. O. 2013. Evaluation of variations in seed vigour characters of West African rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using multivariate technique. *American Journal of Plant Sciences* 4 (1): 356-363.
- Afriza, D., Suriyah, W. H., and Ichwan, S. J. A. 2018. In silico analysis of molecular interactions between the antiapoptotic protein survivin and dentatin, nordentatin, and quercetin. *Journal of Physics Conference Series*. 1073 (3): 1-7.
- Aguilar, L. G., Lopez, S. A. M., Aceituno, B. C., Avila, C. J. A., Guerrero, L. J. A., and Quesada, A. R. 2016. DNA source selection for downstream applications based on DNA quality indicators analysis. *Biopreservation and Biobanking*. 14(4): 264-270.
- Ahmad, A., Kaleem, M., Ahmed, Z., and Shafiq, H. 2015. Therapeutic potential of flavonoids and their mechanism of action against microbial and viral infections. *Food Research International*. 77 (2): 221-235.
- Angermueller, C., Pärnamaa, T., Parts, L., and Stegle, O. 2016. Deep learning for computational biology. *Molecular systems biology*. 12 (7), 1-16
- Arif, A., dan Ratnawati, R. 2018. Hubungan Kekerabatan Anggrek *Dendrobium* Berdasarkan Karakteristik Morfologis Dan Anatomis Daun. Kingdom. *Journal of Biological Studies*. 7 (3): 213-222.

- Arwansyah, A., Ambarsari, L. and Sumaryada, T.I. 2014. *Docking* simulation of curcumin and its analogues as androgen receptor inhibitors in prostate cancer. *Current Biochemistry*. 1 (1): 11-19.
- Asahina, H., Shinozaki, J., Masuda, K., Morimitsu, Y., and Satake, M. 2010. Identification of medicinal *Dendrobium* species by phylogenetic analyses using matK and rbcL sequences. *Journal of natural medicines*. 64 (2): 133-138.
- Bahari, R. H., dan Kusnawi, K. 2024. Clustering Analysis of Socio-Economic Districts/Cities in East Java Province Using PCA and Hierarchical Clustering Methods. *Jurnal dan Penelitian Teknik Informatika*. 8 (4): 2242-2251.
- Bhattacharyya, P. 2014 Genetic stability and phytochemical analysis of the in vitro regenerated plants of *Dendrobium nobile* Lindl., an endangered medicinal orchid. *Meta Gene*. Elsevier. 489-504.
- Bhattacharyya, P., Kumaria, S. And Tandon, P. 2015. Applicability of ISSR and DAMD markers for phyto-molecular characterization and association with some important biochemical traits of *Dendrobium nobile*, an endangered medicinal orchid. *Phytochemistry*. 117 (1): 306-316.
- Bhowmik D., Jagadeesan R., Rai P., Nandi R., Gugan K., and Kumar D. 2021. Evaluation of potential drugs against leishmaniasis targeting catalytic subunit of Leishmania donovani nuclear DNA primase using ligand based virtual screening, *docking* and molecular dynamics approaches. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*. 39(5): 1838-1852.
- Chase, M. W., Cameron, K. M., Barrett, R. L., and Freudenstain, J. V. 2003. DNA Data and Orchidaceae Systematics: A New Phylogenetic Classification. *Journal Orchid Conservation*. 5 (1): 69-89.
- Cheke, R. S., Narkhede, R. R., Ambhore, J. P., and Shinde, S. D. 2020. The *Molecular docking* Study of Potential Drug Candidates Showing Anti-COVID-19 Activity by Exploring of Therapeutic Targets of SARS-CoV-2. *Eurasian Journal of Medicine and Oncology*. 4 (3): 185-195.

Chen T. H., Pan S. L., Guh J. H., Liao C.H., Huang, D. Y., Chen, C. C., and Teng C. M. 2008. Moscatilin induces apoptosis in human colorectal cancer cells: a crucial role of c-Jun NH2-terminal protein kinase activation caused by tubulin depolymerization and DNA damage. *Clinical Cancer Research*. 14 (13): 4250-4258.

Chen, D., Oezguen, N., Urvil, P., Ferguson, C., Dann, S. M., and Savidge, T. C. 2016. Regulation of protein-ligand binding affinity by hydrogen bond pairing. *Science Advances*. 2 (3): 1-16

Chen, S., H. Yao, J. Han, C. Liu, J. Song, L. Shi, Y. Zhu, X. Ma, T. Gao, X. Pang, K. Luo, Y. Li, X. Li, X. Jia, Y. Lin, and C. Leon. 2010. Validation of the ITS2 region as a novel dna barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS ONE*. 5 (1): 1-8

Cutajar, J. 2024. *Dendrobium discolor*. <https://www.orchidroots.com/display/summary/orchidaceae/57633/?family=Orchidaceae&role=pubandsyn=N>  
Diakses pada 26 September 2024.

Das, S., Banerjee, A., Kamran, M., Ejazi, S. A., Asad, M., Ali, N., and Chakrabarti, S. 2020. A chemical inhibitor of heat shock protein 78 (HSP78) from *Leishmania donovani* represents a potential antileishmanial drug candidate. *Journal of Biology Chemistry*. 295 (29): 9934-9947.

De, L. C., Rao, A. N., Rajeevan, P. K., Srivastava, M., and Chhetri, G. 2015. Morphological Characterization in *Dendrobium* Species. *Journal of Global Biosciences*. 4 (1): 1198-1215.

Dharmayanti, N. L. P. 2011. Filogenetika Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *Wartazoa*. 21 (1): 1-10.

Fan, C., Wang, W., Wang, Y., Qin, G., and Zhao, W. 2001. Chemical constituents from *Dendrobium densiflorum*. *Phytochemistry*. 57 (8): 1255-1258.

Farmawati, D. A., Wirajana, I. N., and Yowani, S. C. 2015. Perbandingan Kualitas DNA dengan menggunakan Metode Boom Original dan Boom Modifikasi pada Isolat Mycobacterium tuberculosis 151. *Jurnal Kimia*. 9 (1): 41-46.

- Farooq, S., and F. Azam. 2002. Molecular Markers in Plant Breeding: Concepts and Characterization. *Pakistan Journal of Biological Sciences*. 5 (10): 1135-1140.
- Ghanbari, M. A., Jowkar, A., Salehi, H., and Zarel, M. 2019. Effects of polyploidization on petal characteristics and optical properties of *Impatiens walleriana* Hook.. Plant Cell, Tissue and Organ Culture PCTOC. *Springer*. 138 (2): 299-310.
- Gutierrez V. G., and Bando, C. C. G. 2010. The flavonoids luteolin and querctagetin inhibit lipoteichoic acid actions on H9c2 cardiomyocytes. *International Immunopharmacology*. 10 (9) :1003-1009.
- Hajibabaei, M., Singer, G. A., Hebert, P. D., and Hickey, D. A. 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*. 23 (4): 167-172.
- Hamidah., Tsawab. H., and Rosmanida. 2017. Analysis of *Hylocereus* spp. diversity based on phonetic method. *Proceeding Of International Biology Conference 2016: Biodiversity and Biotechnology for Human Welfare*. 1-9.
- Han, J., Zhu, Y., Chen, X., Liao, B., Yao, H., Song, J., Chen, S., and Meng, F. 2013. The short ITS2 sequence serves as an efficient taxonomic sequence tag in comparison with the full length ITS. *BioMed Research International*. 2013 (1): 1-7.
- Handayani, T. T., dan Pramono, E. (2022). Anatomi paradermal daun anggrek *Dendrobium discolor* dan *Phalaenopsis amabilis* secara kuantitatif dan deskriptif. *Jurnal Ilmiah Biologi Eksperimen dan Keanekaragaman Hayati*. 9 (2): 84–90.
- Harahap, A. S. 2017. Uji Kualitas Dan Kuantitas Dna Beberapa Populasi Pohon Kapur Sumatera. *Jasa Padi*. 2 (2): 1-6.
- Hartati, S., dan Darsana, L. 2015. Karakterisasi anggrek alam secara morfologi dalam rangka pelestarian plasma nutfah. *Jurnal Agronomi Indonesia*. 43 (2): 133-139.

- Hartati, S., Nandariyah, N., Muliawati, E. S., Sukaya, S., Yuniastuti, E., Parjanto, P., dan Manurung, I. R. 2022. Karakterisasi Morfologi Tetua dan Hybrid Anggrek *Dendrobium bigibbum* dan *Dendrobium lineale*. *Agrosains: Jurnal Penelitian Agronomi*. 24 (2): 124-129.
- Haryanti, S. 2010. Jumlah dan distribusi stomata pada daun beberapa spesies tanaman dikotil dan monokotil. *Buletin Anatomi dan Fisiologi*. 18 (2): 21-29.
- Helenius, A. 2018. Virus entry: looking back and moving forward. *Journal of molecular biology*. 430 (13): 1853-1862.
- Hendrickx, S., Boulet, G., Mondelaers, A., Dujardin, J. C., Rijal, S., Lachaud, L., Cos, P., Delputte, P., and Maes L. 2014. Experimental selection of paromomycin and miltefosine resistance in intracellular amastigotes of *Leishmania donovani* and *L. infantum*. *Parasitology Research*. 113(1): 1875-1881.
- Hernandez A.V., Phan M.T., Rocco J., Pasupuleti V., Barboza J.J., Piscoya A., Roman Y.M., and White C.M. 2021. Efficacy and Safety of Hydroxychloroquine for Hospitalized COVID-19 Patients: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Journal Clinical Medicine*. 10(11): 1-16.
- Hew, C. S., and Yong, J. W. 2004. The physiology of tropical orchids in relation to the industry. *World Scientific Publishing*. Singapura
- Ho, C. K. and Chen, C. C. 2003. Moscatilin from the orchid *Dendrobium loddigesii* is a potential anticancer agent. *Cancer Investigation*. 21 (6): 729-36.
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., and Little, D. P. 2011. Choosing and Using a Plant DNA Barcode. *PLoS ONE*. 6 (5): 1-13.
- Indraloka, A. B., Dewanti, P., and Restanto, D. P. 2021. Morphological characteristics and pollinia observation of 10 Indonesia native *Dendrobium* orchids. *Biological Research Journal*. 5 (2): 38-45.

- Ivanovic, V., Rancic, M., Arsic, B., and Pavlovic, A. 2020. Lipinski's rule of five, famous extensions and famous exceptions. *Popular Scientific Article*. 3 (1): 171-177.
- Jaya, A. B., Tambaru, E., Latunra, A. I., dan Salam, M. A. 2015. Perbandingan Karakteristik Stomata Daun Pohon Leguminosae di Hutan Kota Universitas Hasanuddin dan di Jalan Tamalate Makassar. *Jurnal of Biological Diversity*. 7 (1): 1-6.
- Kartikaningrum, S., Hermiati, N., dan Baihaki, A. 2002. Kekerabatan antar genus anggrek berdasarkan data fenotip. *Zuriat*. 13 (1): 1-10.
- Khairani, N. 2020. *Identifikasi Tipe Stomata pada Tumbuhan Angiospermae di Kampus UIN AR-RANIRY Sebagai Referensi Praktikum Anatomi Tumbuhan*. UIN AR-RANIRY. Banda Aceh.
- Kinasih, A., El Hakim, A. , Arum, D. A. P., Ramadhani, A. N., dan Semiarti, E. (2022). In Silico Study of Secondary Metabolites in *Dendrobium* spp. as SARS-CoV-2 Antivirus on Main Protease (Mpro). *Jurnal Riset Biologi Dan Aplikasinya*. 4(1): 19-25.
- Kitchen, D. B., Decornez, H., Furr, J. R., and Bajorath, J. 2004. *Docking And Scoring In Virtual Screening For Drug Discovery: Methods And Applications*. *Nature Reviews Drug Discovery*. 3 (11): 935-949.
- Mahfut, M. 2023. *Konsep Konservasi Anggrek Alam Di Kebun Raya Liwa Berbasis Tiga Bidang Ilmu Biologi, Proteksi Tanaman, Dan Kecerdasan Buatan*. Pusaka Media. Bandar Lampung.
- Mahfut, M., Indrianto, A., Somowiyarjo, S., and Daryono, B. S. 2020. Molecular phylogeny of orchids mycorrhiza isolated from native tropical orchids in Indonesia. *Malaysian Journal of Microbiology*. 16 (1): 68-72.
- Maiti, B., Shekar, M., Khushiramani, R., and Karunasagar, I., 2009. Evaluation of RAPD-PCR and protein profile analysis to differentiate *Vibrio harveyi* strains prevalent along the southwest coast of India. *Journal of Genetics*. 88 (3): 273-279.

- Mandlik, V. and Singh, S. 2016. *Molecular docking* and molecular dynamics simulation study of inositol phosphorylceramide synthase-inhibitor complex in leishmaniasis: Insight into the structure based drug design. *F1000 Research*. 5(1): 1-13.
- Maulidya, N. N., Rohimah, S., Ramadany, Z., Ratnasari, T., dan Su'udi, M. 2020. Assessment of the DNA Barcodes Characteristic of *Phalaenopsis deliciosa* based on matK, rbcL, and ITS. *Biogenesis: Jurnal Ilmiah Biologi*. 8 (2): 138-144.
- Meng, X. Y., Zhang, H. X., Mezei, M., and Cui, M. 2011. Molecular docking: a powerful approach for structure-based drug discovery. *Current Computer Aided Drug Design*. 7(2): 146-157.
- Miswarti, Calista, I., Putra, W. E., Sugandi, D., Rahman, T., Fauzi, E., Wahyuni, T., Hartono, R., and Sastro, Y. 2021. Morphology characteristics of orchids species in Bukit Barisan, Bengkulu province. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 653 (1): 1-9.
- Morris, G. M., and Lim, W. M. 2008. Molecular docking. In Molecular Modeling of Proteins. Methods in Molecular Biology. Humana Press. Amerika Serikat.
- Mount, D.W. 2004, *Bioinformatic :sequence and genome analysis (second edition)*. Cold Spring Harbor Lab Press. New York.
- Moyroud, E. and Glover, B.J. 2017. The Evolution of Diverse Floral Morphologies. *Current biology*. 27 (17): 941-951.
- Najihah, A., Izzati, N. A., Yong, S. Y. C., and Izham, M. N. N. M. 2017. Characterization of *Fusarium proliferatum* and *Fusarium verticillioides* based on Species-Specific Gene and Microsatellites Analysis. *Sains Malaysiana*. 46 (12): 2425-2432.
- Ogundare, C. S., and Saheed, S. A. 2012. Foliar epidermal characters and petiole anatomy of four species of *Citrus* L. (Rutaceae) from South-Western Nigeria. *Bangladesh Journal of Plant Taxonomy*. 19 (1): 25-31.

Okpo, E., Agboke, A. A., Udobi, C. E., and John, G. E. 2024. The Synergy of *Molecular docking* and Bioinformatics: An in Depth Review in Drug Discovery. *Biotechnology Journal International*. 28(4):119-136.

Pandey R. K., Sharma, D., Bhatt T. K., Sundar, S., and Prajapati V. K. 2015. Developing imidazole analogues as potential inhibitor for *Leishmania donovani* trypanothione reductase: Virtual screening, molecular *docking*, dynamics and ADMET approach. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*. 33(12): 2541-2553.

Pangestu, F., Aziz, S. A., dan Sukma, D. 2014. Karakterisasi morfologi anggrek *Phalaenopsis*. *Jurnal Hortikultura Indonesia*. 5 (1): 29-35.

Pawlak, K., Blazej, P., Mackiewicz, D., and Mackiewicz, P. 2023. The Influence of the Selection at the Amino Acid Level on Synonymous Codon Usage from the Viewpoint of Alternative Genetic Codes. *International Journal of Molecular Sciences*. 24 (2): 1-20

Perdana, A. T., dan Permana, A. A. 2021. *Molecular docking* Senyawa Potensial Anticovid-19 Secara In Silico. *Jurnal Informatika*. 5 (2): 159-166.

Perwitasari, D. A. G., Rohimah, S., Ratnasari, T., Sugiharto, B., dan Suudi, M. 2020. *Barcoding Anggrek Obat Dendrobium Discolor* Lindl. Tanimbar Menggunakan Gen Rbcl Dan Its. *Buletin Penelitian Tanaman Rempah dan Obat*. 31 (1): 8-20.

Pinzi, L., and Rastelli, G. 2019. Molecular *Docking*: Shifting Paradigms in Drug Discovery. *International Journal of Molecular Sciences*. 20 (18): 1-23.

Plantamor. 2024. *Dendrobium*. <https://plantamor.com/species/search>. Diakses pada 26 Oktober 2024

Prabowo, S.A.A.E., and Santoso, B. 2018. In silico Profile of Interaction of Coriander and Star Anise Natural Compounds as Peptide Deformylase Inhibitors of *Mycobacterium tuberculosis* (3SVJ and 1WS1) using PyRx-Vina Assistance. *Proceeding of the URECOL*. 402-408.

- Prastika, D., Sarjani, T. M., Mahyuni, S. R., Hariani, I., Alviana, R., Tiara R., Hendrik, E., Aulia, R., dan Amalia, T. 2023. Identifikasi Tipe Stomata Anggota Suku Myrtaceae di Kota Langsa. *Jurnal Sains dan Edukasi Sains*. 6 (1): 20-27.
- Puchooa, D. 2004. Comparison of different culture media for the in vitro culture of *Dendrobium* Orchidaceae. *International journal of agricultural and biological engineering*. 6 (5): 884-888.
- Purba, T. H. P., dan Chasani, A. R. 2021. Phenetic analysis and habitat preferences of wild orchids in Gunung Gajah, Purworejo, Indonesia. *Biodiversitas*. 22 (3): 1371-1377.
- Rachmania, R. A., Supardi., and O. A. Larasati. 2015. In Silico Analysis of Diterpenoid Lactone Compounds of Bitter Herbs (*Andrographis paniculata* Nees) on AlphaGlucosidase Receptor as Antidiabetic Type II Agents. *Pharmacy*. 12 (2): 210-222.
- Rahmawati, Hasanuddin, dan Nurmaliah, C. 2016. Hubungan Kekerabatan Fenetik Tujuh Anggota Familia Apocynaceae. *Jurnal Ilmiah Mahasiswa Pendidikan Biologi*. 1 (1): 1-9.
- Ramdhini, D. W., dan Jannah, M. 2021. Analisis Filogenetik Anggrek *Dendrobium* Berdasarkan Sekuen ITS rDNA. *Jurnal Ilmiah Biologi*. 1 (1): 8-12.
- Raven, P. H., Evert, R. F., and Eichhorn, S. E. 2005. *Biology of plants* (7th ed.). W. H. Freeman and Company. New York
- Rindyastuti, R., Nurfadilah, S., Rahadiantoro, A., Hapsari, L, and Abiwijaya, I. K. 2018. Leaf Anatomical Characters of Four Eppiphytic Orchids of Sempu Island, East Java, Indonesia: The Importance in identification and Ecological Adaptation. *Biodiversitas*. 19 (5): 1906-1918.
- Roschek J, B., Fink, R. C., McMichael, M. D., Li, D., and Alberte, R. S. 2009. Elderberry flavonoids bind to and prevent H1N1 infection in vitro. *Phytochemistry*, 70 (10): 1255-1261.

Sari, I.W., Junaidin, J. and Pratiwi, D., 2020. *Molecular docking Study of Flavonoid Compounds of Cat's Whisker Herb (Orthosiphon stamineus B.) on Glucosidase Receptors as Type 2 Antidiabetic*. *Jurnal Farmagazine*. 7 (2): 54-60.

Sayers, E. W., Beck, J., Bolton, E. E., Bourexis, D., Brister, J. R., Canese, K., Comeau, D. C., Funk, K., Kim, S., Klimke, W., Marchler-Bauer, A., Landrum, M., Lathrop, S., Lu, Z., Madden, T. L., O'Leary, N., Phan, L., Rangwala, S. H., Schneider, V. A., Skripchenko, Y., Wang, J., Ye, J., Trawick, B. W., Pruitt, K. D., and Sherry, S. T. 2021. Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Research*. 49 (1): 10-17

Shidiqy, H. A., Wahidah, B. F., and Hayati, N. 2018. Karakterisasi Morfologi Anggrek (Orchidaceae) di Hutan Kecamatan Ngaliyan Semarang. *Journal of Biology and Applied Biology*. 1 (2): 94-98.

Silva, J. A. T. D., X. Jin, J. Dobránszki, J. Lu, H. Wang, G. Zott, J. C. Cardoso, and S. Zen. 2015. Advances in *Dendrobium* molecular research: applications in genetic variation, identification and breeding. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 95 (2): 196-216.

Singh, S., Vijaya, P. S., Suryanarayanan, V., Bhardwaj, R., Singh, S. K., and Dubey, V. K. 2016. *Molecular docking and structure-based virtual screening studies of potential drug target, CAAX prenyl proteases, of Leishmania donovani*. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*. 34(11): 2367-2386.

Suhadi, A., Rizarullah, R., and Feriyani, F. 2019. Simulasi *Docking* Senyawa Aktif Daun Binahong Sebagai Inhibitor Enzyme Aldose Reductase. *Jurnal Penelitian Kesehatan*. 6 (2): 55-65.

Suhaimi, S., 2017. *Evaluation of Morphology, Anatomy, Physiology and Anatomy of Forage Plants Obtained by Colchiisin Treatment*. Universitas Diponegoro.

Sumilah, S., Devy, N. F., dan Hardiyanto, H. 2019. Karakterisasi morfologi daun dan bunga ubi jalar lokal (*Ipomoea batatas* L.) dari Kabupaten Agam dan Solok, Provinsi Sumatera Barat. *Buletin Plasma Nutfah*. 25 (2): 91-98.

- Sumon, M. H., Sohel, M. D., Asif, F., Mondal, T. K., and Kawsar, M. H. 2021. Analysis between Linagliptin and Azithromycin: In vitro and In vivo Interaction Study. *Drug Metabolism Letters*. 14 (3): 193-205.
- Sun, M., Feng, C. H., Liu, Z. Y., and Tian, K. 2020. Evolutionary correlation of water-related traits between different structures of *Dendrobium* plants. *Botanical Studies*. 61(1): 1-14.
- Suparman. 2016. Desain Primer Pcr Secara In Silico Untuk Amplifikasi Gen Coi Pada Kupu-Kupu (*Papilio ulysses* Linnaeus) Dari Pulau Bacan. *Jurnal Pendidikan Matematika dan IPA*. 7 (1): 14-25.
- Syahputra, G., L. Ambarsari, dan T. Sumaryada. 2014. Docking Simulation of Enol Curcumin, Bisdemethoxycurcumin and Their Analogues as Enzyme 12-Lipoxygenase Inhibitor. *Jurnal Biofisika*. 10 (1): 55-67.
- Tallei, T. E., Tumilaar, S. G., Niode, N. J., Fatimawali, Kepel, B. J., Idroes, R., Effendi, Y., Sakib, S. A., and Emran, T. Bin. 2020. Potential of Plant Bioactive Compounds as SARS-CoV-2 Main Protease Mpro and Spike S Glycoprotein Inhibitors: A Molecular docking Study. *Scientifica*. 2020 (1): 1-18
- Tambaru, E., 2015. Identification of morphological and anatomical characteristics *Flacourtia inermis* Roxb. in the Unhas Tamalanrea Makassar campus area. *Journal of Natural and Environmental Science*. 6 (11): 35-41.
- Tambunan, R. R., Sari, S., Saragih, Y., Carsono, N., dan Wicaksana, N. 2019. Studi kekerabatan padi hasil piramidisasi berbasis marka molekuler dan fenotipik. *Agrikultura*. 30 (3): 100-108.
- Teoh, E.S. 2016. *Medicinal Orchids of Asia*. Elsevier. Singapura.
- Trivedi, M., Vaidya, D., Patel, C., Prajapati, S., and Bhatt, J. 2020. In silico and in vitro studies to elucidate the role of 1HYN and 1QKI activity in BPA induced toxicity and its amelioration by Gallic acid. *Chemosphere*. 241: 125076.

- Trott, O., and Olson, A. J. 2010. AutoDock Vina: improving the speed and accuracy of *docking* with a new scoring function, efficient optimization, and multithreading. *Journal of Computational Chemistry*. 31 (2): 455–461.
- Tuhuteru, S., Hehanussa, M. L., dan Raharjo, S. H. 2018. Pertumbuhan dan perkembangan anggrek *Dendrobium anosmum* pada media kultur in vitro dengan beberapa konsentrasi air kelapa. *Agrologia*. 1 (1): 1–12.
- Wang, H.Z., Feng S., Lu, J., Shi, N., Liu, J. 2009. Phylogenetic study and molecular identification of 31 *Dendrobium* species using inter-simple sequence repeat ISSR markers. *Scientia Horticulturae*. 122 (3): 440-447.
- Wang, Y., Li, M. M., Zhang, B. X., He, S. B., Zheng, R., and Zhang, Y. L. 2015. Elucidating hypoglycemic mechanism of *Dendrobium nobile* through auxiliary elucidation system for traditional Chinese medicine mechanism. *China Journal of Chinese Materia Medica*. 40 (19): 3709-3712.
- Wells, J. E., and McGee, M. A. 2008. *Violations* of the usual sequence of drug initiation: Prevalence and associations with the development of dependence in the New Zealand Mental Health Survey. *Journal of Studies on Alcohol and Drugs*. 69 (6): 789-795.
- Wong G. K. S., Soltis, D. E., Mack, M. J., Wickett, N. J., Barker, M. S., Peer, Y. V., Graham, S. W., and Melkonian, M. 2020. Sequencing and analyzing the transcriptomes of a thousand species across the tree of life for green plants. *Annual Review of Plant Biology*. 71 (1): 1-25.
- Xue, X., Yu, H., Yang, H., Xue, F., Wu, Z., Shen, W., Li, J., Zhou, Z., Ding, Y., Zhao, Q., Zhang, X. C., Liao, M., Bartlam, M., and Rao, Z. 2008. Structures of Two Coronavirus Main Proteases: Implications for Substrate Binding and Antiviral Drug Design. *Journal of Virology*. 82 (5): 2515-2527.
- Zahara, M., and Win, C. C 2019. Morphological and Stomatal Characteristics of Two Indonesian Local Orchids. *Journal of Tropical Horticulture*. 2 (2): 65-69.
- Zasari, M., Ramadiana, S., Yusnita., dan Hapsoro, D. 2010. Respon Pertumbuhan Tunas dari Protocorm-like Bodies Menjadi Planlet Anggrek *Dendrobium* Hibrida In Vitro terhadap Dua Jenis Media dan Pemberian Tripton. *Jurnal Agrotropika*. 15 (1): 23-27.

- Zousa, S. G. H., Pipolo, V. C., Ruas, C. D. V., Carvalho, V. D. P., Ruas, P. M., and Gerage, A. C. 2008. Comparative analysis of genetic diversity among maize inbred lines (*Zea mays* L.) obtained by RAPD and SSR markers. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 51 (1): 183–192.