

COMPARATION OF DENDROGRAM AND CLADOGRAM TOPOLOGY OF *Gyrinops versteegii* AND OTHERS GYRINOPS MEMBER FOR POLYPHASIC TAXONOMY

I Gde Adi Suryawan Wangiyana

Forestry Faculty of Nusa Tenggara Barat University

ABSTRACT

The purpose of this research is to compare topology of dendrogram and cladogram of *G. versteegii* and others *Gyrinops* members for polyphasic taxonomy approach. Character of leaf, stem, flower and fruit of *Gyrinops* member were used for numeric phenetic analysis. On the other hands, trnL-trnF interspacer of chloroplast gene sequence were used for phylogenetic analysis. MVSP 3.1A were used for dendrogram construction using Simple Matching Coefficient and Jaccard's Coefficient as clustering method. Co-stat cohort 6 were used for cophenetic correlation analysis. Multiple sequence alignment of trnL – trnF was carried by ClustalX 2.1 program. MEGA program was used for reconstruction of cladogram. This cladogram uses two different approach algorithms including: Neighbor Joining and Maximum Likelihood with 1000 bootstrap replication. Sequences similarity matrix analysis were carried by Phytol program with cut off value 99% for each *Gyrinops* members. Based on result, simple matching dendrogram has the same topology as Jaccard's dendrogram. Cophenetic correlation analysis also confirm that there is no distortion on clustering analysis of these two dendrograms. On the other hand, Neighbor Joining cladogram has different topology from Maximum Likelihood cladogram. Similarity analysis of trnL-trnF sequence shows that each member of *Gyrinops* has strong phylogenetic relationship. Comparison of dendrogram and cladogram of *G. versteegii* with other *Gyrinops* members confirm that this species has different clustering group on dendrogram and cladogram. It could be concluded that *G. versteegii* has unique phylogenetic relationship and similarity relationship with others *Gyrinops* members.

Kata kunci: Dendrogram, Cladogram, *Gyrinops versteegii*

PENDAHULUAN

Gyrinops versteegii merupakan salah satu hasil hutan bukan kayu unggulan daerah pulau Lombok. Komoditi spesies ini memiliki nilai ekonomi tinggi sehingga gencar untuk dikembangkan melalui budidaya (Wangiyana & Malik., 2018). Untuk pengembangan berkelanjutan melalui budidaya diperlukan studi menyeluruh terhadap spesies ini. Salah satunya adalah melalui studi taksonomi.

Studi taksonomi dapat memberikan gambaran variasi spesies *G. versteegii* baik dalam spesies maupun antar spesies. Spesies *G. versteegii* diketahui memiliki 4 variasi group untuk wilayah pulau Lombok yaitu: Pantai, Buaya, Madu dan Beringin. Pengelompokan itu didasarkan pada variasi karakter morfologi maupun genetis pada spesies ini (Iswantari dkk, 2017).

Selain variasi dalam spesies, *G. versteegii* juga memiliki variasi karakter antar spesies. Spesies ini diketahui memiliki variasi anatomi organ vegetatif dengan anggota genus *Gyrinops* lainnya. Melalui analisis terhadap dendrogram terbukti bahwa *G. versteegii* variasi tingkat

similaritas dengan anggota genus *Gyrinops* lain (Wangiyana, 2019). Hal ini mampu memberikan kontribusi terhadap studi taksonomi numerik - fenetik dari spesies ini.

Pada era taksonomi modern, selain menggunakan studi numerik – fenetik diperlukan juga tambahan studi filogenetik. Jika analisis numerik – fenetik bertujuan untuk mendeskripsikan hubungan similaritas antar takson, maka studi filogenetik bertujuan untuk mendeskripsikan hubungan kekerabatan antar takson. Berdasarkan analisis filogenetik terhadap sekuens trnL-trnF spacer gen kloroplast dari *G. versteegii*, terbukti bahwa spesies ini mempunyai hubungan kekerabatan yang sifatnya polifiletik dengan genus lain pada family thymelaeaceae (Wangiyana, 2016).

Analisis numerik – fenetik dan analisis filogenetik menghasilkan produk yang berbeda dalam studi taksonomi. Analisis numerik – fenetik menghasilkan dendrogram yang menggambarkan hubungan kemiripan (similaritas). Sementara itu analisis filogenetik menghasilkan cladogram yang menggambarkan

hubungan kekerabatan (Gajurel, 2015). Meskipun merupakan produk yang berbeda, analisis terhadap dendrogram dan cladogram dapat digunakan sebagai dasar untuk menghasilkan taksonomi yang bersifat polifasik.

Studi taksonomi yang bersifat polifasik merupakan studi taksonomi yang dapat diandalkan untuk menjelaskan fenomena adanya biodiversitas antar organisme. Studi taksonomi ini memberikan peran yang sangat esensial mengenai pemahaman pembelajaran variasi karakter antar spesies secara holistik, termasuk spesies *G. versteegii*. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk membandingkan topologi dendrogram dan cladogram dari *G. versteegii* dengan anggota genus *Gyrinops* lain untuk menghasilkan taksonomi yang bersifat polifasik.

METODOLOGI PENELITIAN

a) Pemilihan karakter kunci untuk dendrogram

Prinsip dasar dari analisis numerik – fenetik adalah menggunakan sebanyak – banyaknya karakter dari takson (OTU) yang dianalisis atau dikenal dengan aliran politetik. Oleh karena itulah untuk melakukan analisis ini digunakan berbagai karakter dari *G. versteegii* meliputi: batang, daun, bunga dan buah. Sebagai dasar dalam memilih karakter kunci, digunakan acuan kunci identifikasi dalam buku identifikasi Thymelaeaceae Flora Melanesia (Hou, 1960). Karakter yang dipilih harus bersifat unik terhadap OTU yang dibandingkan. Satu karakter tidak boleh dimiliki oleh semua OTU yang dibandingkan atau sebaliknya karakter tersebut tidak dimiliki oleh semua OTU yang dibandingkan.

b) Proses penyuntingan karakter

OTU (n) yang dibandingkan dengan karakter kunci yang digunakan (t) disusun dalam matrix table $n \times t$. Penyuntingan karakter dilakukan dengan menggunakan Program File Editing (PFE). Karakter yang dimiliki oleh OTU diberi symbol + sementara itu karakter yang tidak dimiliki oleh OTU diberi symbol -. Selanjutnya symbol tersebut dikonversi menjadi angka biner dengan ketentuan + sama dengan 1 dan – sama dengan 0.

c. Konstruksi Dendrogram

Konstruksi Dendrogram dilakukan dengan menggunakan program Multi-Variant Statistical Package (MVSP version 3.1A). Algoritme

Unweighted Pair Group with Arithmetic Mean (UPGMA) digunakan dalam analisis clustering (Sokal & Michener, 1958). Analisis clustering menggunakan 2 jenis similarity index yaitu Simple Matching Coefficient dan Jaccard's Coefficient.

d. Analisis Cophenetic Correlation

Analisis Cophenetic Correlation digunakan untuk mendeskripsikan apakah ada distorsi antara Similarity Matrix yang dihasilkan dari kegiatan clustering (Farris, 1969). Berdasarkan analisis ini dapat ditentukan apakah sorted similarity matrix yang dihasilkan dari kegiatan clustering masih berkorelasi dengan unsorted similarity matrix. Program Co-stat Cohort 6 digunakan dalam analisis korelasi dengan ketentuan jika nilai R lebih besar dari 0,6 artinya sorted similarity matrix tidak terdistorsi dengan unsorted similarity matrix karena masih terdapat hubungan korelasi. Signifikansi hubungan korelasi tersebut juga dapat diukur pada taraf α 0,05.

e. Data Sekuen

Sekuen gen trnL – trnF kloroplast dari kelompok genus *Gyrinops* diunduh dari database skuen web NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). menggunakan mode *Nucleotide Search*. Semua sekuen gen yang digunakan dalam analisis disajikan dalam table 1.

Tabel 1. Sekuen trnL-trnF genus *Gyrinops*

Iolat	Assesion Number	Panjang Sekuen (BP)
<i>G. podcarpus</i>	AY216756.1	555
<i>G. salicifolia</i>	AY216757.1	556
<i>G. versteegii</i>	KT726329.1	499
<i>G. ledermannii</i>	KT726324.1	498
<i>G. moluccana</i>	KT726325.1	498
<i>G. caudata</i>	KT726323.1	500

F. Multiple Sequence Alignment

Multiple Sequence Alignment dilakukan dengan menggunakan program ClustalX 2.1. (Larkin et al., 2007). Alignment terhadap sekuen gen trnL-trnF yang digunakan bertujuan untuk mensejajarkan setiap sekuen yang digunakan agar posisi homologi dari setiap sekuen dapat dibandingkan satu sama lain. Mode alignment total “do complete alignment” dilakukan terhadap setiap sekuen file FASTA untuk menghasilkan file yang kompatibel dengan MEGA dan PHYDIT.

g). Rekonstruksi Cladogram

Rekonstruksi Cladogram dalam bentuk pohon filogenetik dilakukan dengan menggunakan proram MEGA 5.1 (Tamura et al., 2011). Sekuen yang digunakan adalah hasil alignment dari program Clustal X dengan konversi terlebih dahulu agar kompatibel dengan program MEGA. Rekonstruksi Cladogram menggunakan dua algoritme filogenetik yaitu: Neighbor Joining dan Maximum Likelihood.

Cladogram berdasarkan Neighbor Joining algoritme (Saitou and Nei, 1987) direkonstruksi dengan menggunakan *Test of Phylogeny bootstrap* 1000 replikasi. Model evolusi yang digunakan adalah Tamura 3 parameter. Laju evolusi (*Rates among sites*) menggunakan *Gamma Distributed*. Perlakuan terhadap data jika ada yang hilang (*missing data treatment*) menggunakan mode *complete deletion*. *Maximum Likelihood tree* (Felsenstein, 1981) direkonstruksi dengan menggunakan *Test of Phylogeny bootstrap* 1000 replikasi. Model evolusi yang digunakan adalah Tamura 3 Parameter. Laju evolusi (*Rates among sites*) menggunakan *Gamma Distributed*. Perlakuan terhadap data jika ada yang hilang (*missing data treatment*) menggunakan mode *use all sites*. Untuk optimasi pohon filogenetik digunakan *ML Heuristic Method Nearest-Neighbor-Interchange* (NNI) dengan *Initial tree for ML* adalah *Neighbor Joining*.

h) Pembuatan Matrix Similaritas

Pembuatan Matrix similaritas menggunakan program Phytit (Chun, 1995). Matrix Similaritas nukelotida dibuat dengan mode *Generating Similarity Table*. Data matrix similaritas selanjutnya dianalisis untuk mengetahui tingkat similaritas antar sekuen trnL-trnF *G. versteegii* dengan sekuen *Gyrinops* lainnya dengan cut of value sebesar 99%.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Data karakter daun, batang, bunga dan buah dapat merupakan karakter yang ideal untuk analisis numerik – fenetik (Tabel 2). Analisis ini mengedepankan penggunaan sebanyak – banyaknya karakter untuk analisis dan tentu saja merupakan karakter yang unik. Data karakter ini dapat digunakan untuk menyusun matrix similaritas dengan *similarity coefficient* yang berbeda yaitu Simple Matching (table 3) dan Jaccard's (Tabel 4).

Tabel 2. Layout n x t

No	Character	<i>G. moluccana</i>	<i>G. ladernanii</i>	<i>G. salicifolia</i>	<i>G. caudata</i>	<i>G. versteegii</i>	<i>G. podocarpus</i>
1	Habitus Trees	-	-	-	+	+	-
2	Habitus Shurbs	+	+	-	+	+	-
3	Habitus Slender Shrubs	-	-	+	-	-	+
4	Branchelet pubescent	-	-	+	+	-	-
5	Branchelet glabrescent	-	-	-	+	-	-
6	Branchelet light brown	-	-	+	-	-	-
7	Branchelet withish	-	-	-	+	-	-
8	Branchelet greyish	-	-	-	+	-	-
9	Leaves length 1 cm – 10 cm	-	+	+	+	+	-
10	Leaves length 11 cm – 20 cm	+	+	-	+	+	+
11	Leaves length 21 cm – 30 cm	+	-	-	-	-	-
12	leaves width 1 cm – 5 cm	+	+	+	+	+	+
13	leaves subcoriaceous	-	+	-	-	+	-
14	leaves chartaceous	+	-	-	+	+	+
15	leaves glabrous	+	+	-	+	+	+
16	leaves scattered pubescent	-	-	+	-	-	-
17	leaves shape oblongus	-	+	-	-	-	+
18	leaves shape elliptic-oblong	-	-	-	+	+	+
19	leaves ovate/obovate-oblong	-	-	-	+	+	+
20	leaves oblong lanceolate	+	-	-	-	-	-
21	leaves ovate/elliptic-lanceolate	-	+	-	-	-	-
22	leaves shape lanceolate	-	-	+	-	-	-
23	leaves base acute	-	+	-	-	-	-
24	leaves base obtuse	+	-	-	-	-	-
25	leaves base cuneate	-	-	+	+	+	+
26	leaves apex acute	-	+	-	-	-	-
27	leaves apex acuminate	+	+	+	+	+	+
28	acumen < 1,5 cm	-	-	-	+	-	-
29	acumen < 2 cm	-	-	-	-	+	+
30	nerves and veins 16 – 30 pairs	+	-	-	-	-	+
31	inflorescences axillary	+	-	-	+	-	-
32	inflorescences terminal	-	-	-	-	+	+
33	infructescences terminal	-	+	+	-	-	-
34	petaloid appendages united	+	-	-	-	-	-
35	petaloid appendages rectangular	-	+	-	-	-	-
36	fruit ovoid	+	-	-	-	-	-
37	Fruit pyriform	-	+	-	-	-	+
38	Fruit obovoid	-	-	-	-	+	-
39	ovary ovoid	+	-	-	+	+	-
40	ovary obovate	-	-	+	-	-	-
41	ovary oblanceolate	-	-	-	-	-	+

Sumber: Data Primer diolah 2019

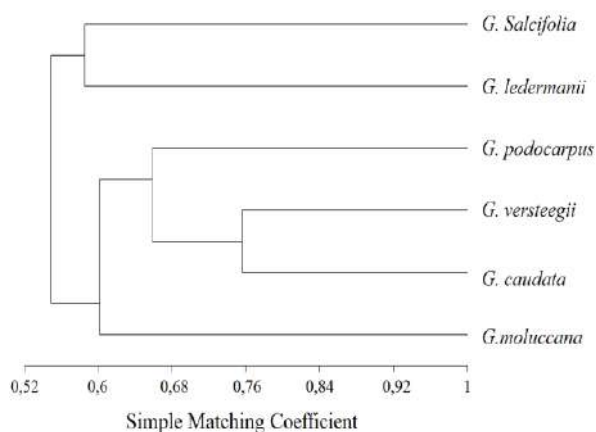
Tabel 2. Matrix Similaritas Simple Matching

	<i>G. moluccana</i>	<i>G. ladermanii</i>	<i>G. salcifolia</i>	<i>G. caudata</i>	<i>G. versteegii</i>	<i>G. podocarpus</i>
<i>G. moluccana</i>	1					
<i>G. ladermanii</i>	0,561	1				
<i>G. salcifolia</i>	0,488	0,585	1			
<i>G. caudata</i>	0,61	0,512	0,537	1		
<i>G. versteegii</i>	0,61	0,61	0,537	0,756	1	
<i>G. podocarpus</i>	0,585	0,585	0,561	0,585	0,732	1

Tabel 3. Matrix Similaritas Jaccard's

	<i>G. moluccana</i>	<i>G. ladermanii</i>	<i>G. salcifolia</i>	<i>G. caudata</i>	<i>G. versteegii</i>	<i>G. podocarpus</i>
<i>G. moluccana</i>	1					
<i>G. ladermanii</i>	0,217	1				
<i>G. salcifolia</i>	0,087	0,19	1			
<i>G. caudata</i>	0,333	0,231	0,208	1		
<i>G. versteegii</i>	0,304	0,304	0,174	0,545	1	
<i>G. podocarpus</i>	0,261	0,261	0,182	0,32	0,476	1

Sumber: data primer (2019)

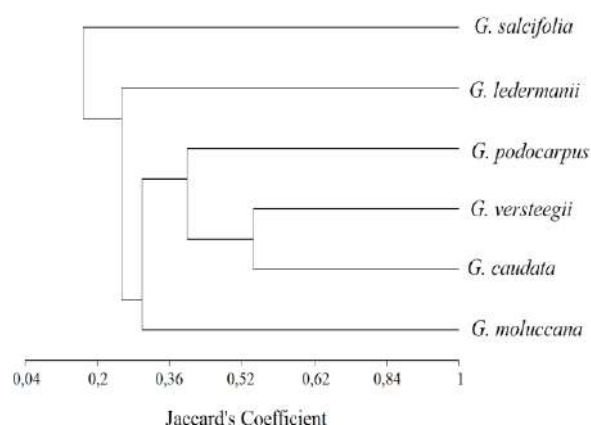


Gambar 1. Dendrogram Simple Matching Coefficient

Tabel 5. Analisis Cophenetic Correlation

Matrix	r	SE. of r	P(r=0)	n
Simple Matching	0,84	0,15	0,0001 ***	15
Jaccard's	0,92	0,11	0,00001 ***	15

Keterangan: *** sangat signifikan



Gambar 2. Dendrogram Simple Matching Coefficient

Karakter morfologis organ tanaman Gyrinops dapat digunakan sebagai karakter kunci dalam taksonomi Gyrinops secara numerik – fenetik. Karakter – karakter tersebut menghasilkan matrix similaritas yang dapat dianalisis dengan coefficient similarity berbeda. Matrix tersebut memiliki nilai similaritas antar OTU yang sedikit berbeda. Pada matrix Simple Matching nilai index similaritas tertinggi antara OTU *G. versteegii* dan *G. caudata* sebesar 0,756. Sementara itu pasangan OTU yang sama pada matrix jaccard's memiliki nilai index similaritas 0,545. Secara umum Simple Matching Coefficient memiliki pendekatan kalkulasi yang berbeda dengan Jaccard's coefficient sehingga tentu menghasilkan matrix similaritas yang berbeda. (Dalirsefat et all., 2009)

Dendrogram yang dikonstruksi dengan index similaritas simple matching coefficient dan Jaccard's coefficient memiliki topologi yang mirip. Artinya terdapat konsistensi perbandingan karakter antara anggota genus Gyrinops yang dibandingkan pada dua dendrogram tersebut. Konsistensi seperti ini tidak terlihat jika dalam analisis ditambahkan lagi genus lain yang memiliki hubungan dekat dengan Gyrinops, misalnya genus *Aquilaria* (Wangiyana, 2019).

Berdasarkan analisis Cophenetic Correlation dapat dikatakan bahwa metode klastering yang digunakan tidak mengalami distorsi. Hal ini ditunjukkan dengan nilai korelasi antara matrix similaritas unsorted dan sorted baik pada coefficient simple matching maupun Jaccard's yang memiliki nilai r lebih besar dari 0,6. Selain itu berdasarkan uji standar error semua nilai r tersebut sangat signifikan. Hal ini sekaligus menunjukkan bahwa

dendrogram yang di konstruksi bersifat akurat dan realibel (Faris, 1969)

Cladogram yang dihasilkan dengan metode klastering berbeda ternyata memiliki topology yang berbeda. Dengan demikian secara principal, dendrogram genus *Gyrinops* berbeda dengan cladogramnya. Topology cladogram Algoritme Neighbor Joining berbeda dengan Algoritme Maximum Likelihood. Perbedaan tersebut terutama dalam hal pasangan sister taxa yang merupakan kerabat terdekat terakhir yang tidak berbagai nenek moyang Bersama dengan taksa lainnya dalam cladogram (Gregory, 2008). Pasangan sister taxapada Neighbor joining tree adalah *G. moluccana* dan *G. caudata*. Sementara itu padangan sister taxa pada Maximum Likelihood Tree adalah *G. moluccana* dan *G. salicifolia*. Hal ini konsisten dengan hasil analisis filogenetik antar anggota genus *Gyrinops* dengan genus *Aquilaria* yang menunjukkan pola polifiletik. (Wangiyana, 2016).

Perbandingan antara Dendrogram dan Cladogram menunjukkan kompleksitas hubungan similaritas dan hubungan kekerabatan antara *G. versteegii* dengan anggota kelompok *Gyrinops* lainnya. Hal ini didasarkan pada perbedaan mendasar antara topologi dendrogram dan cladogram genus *Gyrinops*. Pada dendrogram *G. versteegii* selalu tergabung dalam satu klaster dengan *G. caudata*. Sementara itu pada Cladogram *G. versteegii* tidak secara langsung tergabung dengan klaster yang sama dengan *G. caudata*. Hal ini menunjukkan bahwa meskipun *G. versteegii* memiliki tingkat kemiripan tinggi dengan *G. caudata*, namun spesies ini secara evolusioner memiliki hubungan kekerabatan yang jauh dengan *G. caudata*. Kompleksitas hubungan kemiripan dan kekerabatan menyebabkan dua taksa yang mirip belum tentu berkerabat atau sebaliknya dua taksa yang berkerabat belum tentu mirip.

Nilai similaritas sekuen gene interspacer trnL-trnF antar anggota *Gyrinops* menunjukkan nilai diatas *cut of value* 99%. Pada sekuen OTU *G. podocarpus* bahkan menunjukkan nilai similaritas sekuen mencapai 100%. Hal ini menunjukkan bahwa antar anggota kelompok *Gyrinops* memiliki hubungan similaritas dan kekerabatan yang dekat satu sama lainnya. Sekuen yang dbandingkan adalah sekuen yang sudah mengalai proses *alignment* sehingga memperhitungkan laju evolusi antar sekuen. Hal

inilah yang menjadi dasar penentuan hubungan kekerabatan meskipun yang dibandingkan adalah similaritas antar sekuen. Similaritas yang tinggi antar sekuen juga disebabkan karena panjang sekuen gen trnL – trnF yang relative cukup pendek, yaitu kurang dari 1000 pasang basa. Selain itu, tentu saja sekuen gen trnL – trnF merupakan marker moluker yang bersifat conserve sehingga meskipun panjang sekuen relative pendek, namun memiliki panjang sekuen area pembanding yang cukup besar setelah melalui proses alignment. (Turktas et al., 2012)

KESIMPULAN

Perbandingan antara Dendrogram dan Cladogram menunjukkan bahwa *G. versteegii* memiliki kompleksitas hubungan similaritas dan kekerabatan dengan anggota genus *Gyrinops* lainnya yang diintpretasikan dari adanya perbedaan topologi dendrogram dan cladogram yang dihasilkan.

DAFTAR PUSTAKA

- Chun, J. 1995. Computer-assisted classification and identification of actinomycetes. *Ph. D. Thesis*. University of Newcastle, United Kingdom.
- Dalirsefat, S. B., Meyer, A. D. S., Mirhoseini, S. Z., 2009. Comparison of Similarity Coefficients used for Cluster Analysis with Amplified Fragment Length Polymorphism Markers in the Silkworm, *Bombyx mori*. *Journal of Insect Science*, 9 (71), pp. 1 – 8.
- Farris, J. S. 1969. On the Cophenetic Correlation Coefficient. *Systematic Zoology*. 18 (3). pp. 279-285
- Felsenstein, J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *J. Mol Evol*, 17. Pp. 368 – 376.
- Gajurel, J. P., 2015. Dendrogram cladogram and clustering analysis. in book: Taxonomic Tools and Flora. Editors: Siwakoti, M and Rajbhandary, S. Department of Plant Resources, Ministry of Forests and Soil Conservation; Central Department of Botany, Tribhuvan University Kathmandu, Nepal, , pp.177-180

- Gregory, R. T., 2008. Understanding evolutionary tree. *Evo Edu Outreach*. 1, pp. 121 – 137.
- Iswantari W., Mulyaningish, T., Muspiah, A. 2017. Karyomorfologi dan jumlah kromosom empat grup *Gyrinops versteegii*(Gilg) Domke di Lombok. *Jurnal Ilmu Kehutanan*. 11 (2017), pp. 205 – 211.
- Larkin M. A., G. Blackshields, N. P. Brown, R. Chenna, P. A. McGettigan, H. McWilliam, F. Valentin, I. M. Wallace, A. Wilm, R. Lopez, J. D. Thompson, T. J. Gibson, D. G. Higgins, 2007. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics*23(21): 2947- 2948.
- Priest, F., Austin, B. 1996. Modern Bacterial Taxonomy. Chapman & Hall. London
- Saitou. N and M. Nei, 1987. The Neighbor-joining Method: A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Mol. Biol. Evol.* 4(4):406-425. 1987
- Sokal R, Michener C.,1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin*. 38: pp 1409–1438
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., and S. Kumar.2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol Biol Evol.*28, 2731-9.
- Turktas, M., Aslay, M., Kaya, E., Ertugrul, F. 2012. Molecular characterization of phylogenetic relationships in *Fritillaria* species inferred from chloroplast trnL-trnF sequences. *Turk J Biol.* 36 (2012), pp. 552 – 560.
- Wangiyana, I G. A. S., 2019. Similarity analysis of genera *Aquilaria* and *Gyrinops* based on vegetative structure feature using different clustering method. *Jurnal Sangkareang Mataram*. (5) 1, pp. 62 – 68.
- Wangiyana, I G. A. S., Triandini, I G. A. A., Putradi, D., Wangiyana, W. 2018. Tannin concentration of *Gyrinops* tea from leaves of juvenile and mature agarwood trees (*Gyrinops versteegii* Gilg (Domke)) with different processing methods. *Journal of Chemical and Pharmaceutical Research*, 10 (10), pp. 113 – 119.
- Wangiyana, I G. A. S. & Malik, S., 2018. Application of arbuscular mycorrhiza from Senaru forest rhizosphere for *Gyrinops versteegii* germination and growth. *Biosaintifika*, 1 (2), pp. 432 – 438.
- Wangiyana, I. G. A. S., 2016. Phylogenetic Analysis of *Aquilaria* and *Gyrinops* Member Based on trnL – trnF gene Sequence of Chloroplast. *Jurnal Sangkareang Mataram*, 2 (4), pp. 41 – 46.