



Analisis Rasch Model pada Instrumen Praktikum Biokimia Isolasi DNA Jeruk Lokal Bengkulu

Nadia Amida^{1,3}, Nahadi^{2*}, F.M. Titin Supriyanti², Liliarsari²

¹ Program Studi Pendidikan IPA, Sekolah Pascasarjana, Universitas Pendidikan Indonesia, Jl. Setiabudhi No. 229, Bandung, 40154, Indonesia

² Departemen Pendidikan Kimia, Universitas Pendidikan Indonesia, Jl. Setiabudhi No.229, Bandung, 40154, Indonesia

³ Program Studi Pendidikan Kimia, Universitas Bengkulu, Jl. W.R. Supratman, Kandang Limun, Bengkulu, 38371A, Indonesia

*Email: nahadi@upi.edu

Info Artikel

Diterima: 07 Mei 2025
Direvisi: 29 Mei 2025
Diterima
untuk diterbitkan: 31 Mei 2025

Keywords:

Rasch Model, Praktikum
Biokimia, Isolasi DNA.

Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk menguji instrumen tes yang digunakan pada praktikum isolasi DNA jeruk lokal Bengkulu menggunakan Rasch model. Penelitian ini menggunakan metode *Design Based Research* (DBR). Penelitian dilakukan pada salah satu perguruan tinggi kota Bandung. Responden penelitian terdiri dari 62 mahasiswa. Item soal dikembangkan berdasarkan indikator yang sesuai dengan praktikum isolasi DNA jeruk lokal Bengkulu. Item soal terdiri dari 15 butir soal pilihan ganda. Kualitas instrumen tes ditinjau secara empiris menggunakan Rasch model. Hasil asumsi unidimensionalitas dan independensi lokal cukup baik dengan nilai *Raw variance explained by measures* mencapai 37,8% dan uji tingkat kesesuaian item soal menyatakan semua soal valid. Komponen instrumen memiliki nilai reliabilitas yang baik dengan nilai *Cronbach Alpha* sebesar 0,60. Hasil distribusi tingkat kesulitan soal diperoleh bahwa terdapat 2 butir soal sangat sulit, 5 butir soal sulit, 3 butir soal sedang, dan 4 butir soal mudah. Hasil *item fit* menunjukkan bahwa semua soal dinyatakan valid.

© 2025 Nadia Amida. This is an open-access article under the CC-BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0>)

PENDAHULUAN

Praktikum biokimia dirancang untuk memberikan pengalaman praktis dan keterampilan bagi mahasiswa. Pada praktikum ini mahasiswa dilatih untuk merancang, melaksanakan, serta menganalisis pekerjaan di dalam laboratorium. Pengalaman kerja yang diperoleh oleh mahasiswa di laboratorium memiliki fungsi penting dalam pendidikan karena sulit untuk memahami pengetahuan ilmiah tanpa adanya pengalaman praktis di laboratorium (Kapici *et al.*, 2021; Uyulgan & Akkuzu, 2018). Praktikum di laboratorium juga menjadi area yang ideal bagi mahasiswa untuk membentuk

pembelajaran yang lebih bermakna (Burrows *et al.*, 2021). Dengan melakukan kegiatan praktikum, mahasiswa menjadi mampu menguasai konsep serta terampil dalam melakukan berbagai pengujian berbagai bahan kajian yang telah ditetapkan.

Hasil studi dokumentasi dan wawancara dari 5 perguruan tinggi yang ada di Indonesia, diperoleh bahwa perkuliahan biokimia yang diterapkan pada program studi merupakan mata kuliah wajib dengan bobot perkuliahan sebanyak 2 SKS dan 1 SKS untuk praktikum. Berdasarkan hasil studi lapangan yang telah dilakukan, bahan kajian pada praktikum biokimia beragam untuk setiap kampus namun secara umum terdapat 4 topik utama yakni uji karbohidrat, protein, lipid, dan aktivitas enzim. Ada beberapa topik praktikum yang berbeda dilaksanakan oleh perguruan tinggi seperti isolasi DNA. Isolasi DNA merupakan salah satu tahapan penting dalam kegiatan memperoleh informasi genetik dan analisis genetik. Prinsip isolasi DNA terdiri atas tiga tahapan yaitu lisis dinding dan membran sel, pemisahan atau purifikasi DNA, serta presipitasi DNA (Francis *et al.*, 2020).

Sejalan dengan data yang diperoleh pada studi pendahuluan, topik isolasi DNA tidak seluruh perguruan tinggi melaksanakannya serta cakupannya juga berbeda, ada yang menggabung DNA dengan analisis protein serta ada yang melakukan isolasi DNA menggunakan sampel bahan alam. Hasil wawancara dengan salah satu dosen Universitas Negeri di Bandung menunjukkan bahwa, praktikum tentang DNA baru sebatas isolasi DNA dan karakterisasi. Tahapan praktikum pada isolasi DNA dapat dilakukan sampai tahapan sekuensing, sehingga mahasiswa secara holistik bisa mengetahui bagaimana hubungan kekerabatan antar sampel. Hubungan kekerabatan antar sampel dilihat melalui penanda molekuler DNA dengan tahapan awal isolasi DNA sampai dengan hasil sekuensing (Luro *et al.*, 2022; Penjor *et al.*, 2013).

Hubungan kekerabatan dilihat dari seberapa banyak ciri yang sama. Semakin banyak ciri yang sama yang dimiliki oleh suatu tumbuhan maka semakin dekat hubungan kekerabatannya dan semakin banyak perbedaan yang dimiliki oleh suatu tumbuhan maka semakin jauh hubungan kekerabatannya (Agustina & Hasanuddin, 2021). Filogenetik merupakan metode yang digunakan untuk menganalisis hubungan kekerabatan makhluk hidup. Di dalam filogenetik, kelompok organisme yang memiliki kesamaan karakter atau ciri dianggap memiliki hubungan kekerabatan yang dekat (Bayer *et al.*, 2009; Sun *et al.*, 2015). Dengan mengetahui hubungan kekerabatan ini maka dapat diperoleh informasi keragaman tingkat genetik.

Informasi keragaman tingkat genetik ini dapat digunakan dalam menyusun strategi konservasi, pemuliaan, dan pengelolaan tanaman secara berkelanjutan (Zulfahmi, 2013). Bengkulu merupakan wilayah provinsi yang berada di pulau Sumatera, Indonesia. Jeruk menjadi salah satu komoditas pertanian unggulan dari Bengkulu, yang merupakan tanaman yang tergolong kedalam famili *Rutaceae*. Jeruk menjadi salah satu tanaman hortikultura yang banyak digemari dan dikonsumsi oleh masyarakat Bengkulu. Di Bengkulu, jeruk merupakan komoditas buah-buahan yang produksinya tertinggi kedua setelah pepaya pada tahun 2024. Berdasarkan data statistik pertanian hortikultura jumlah produksi jeruk Bengkulu pada tahun 2023 yakni 233.549 kw/qui (kuintal/unit) dan tahun 2024 sebesar 322.579,55 kw/qui (kuintal/unit). Jeruk gerga dan jeruk kalamansi menjadi potensi lokal unggulan Bengkulu. Jeruk ini memiliki ketersediaan buah yang dihasilkan sepanjang tahun, karena dalam satu pohon terdapat 4-6 generasi artinya dalam satu pohon ada bunga, buah muda sampai buah siap panen. Dengan potensi besar yang dimiliki oleh kedua jeruk tersebut berdampak pada peningkatan kesejahteraan masyarakat.

Pada penelitian ini digunakan instrumen tes yang dirancang sesuai dengan indikator materi isolasi DNA yang terintegrasi dengan indikator keterampilan berpikir sistem. Kualitas instrumen yang digunakan akan diuji menggunakan Rasch model. Rasch model membuat hubungan hierarki antara peserta ujian (*person*) dan butir soal (*item*) yang digunakan (Sumintono & Widhiarso, 2015). Pada Rasch model data mentah hasil belajar akan diubah menjadi bentuk nilai Logit (*logarithm odd unit*). Dengan logit nilai skor mentah dari mahasiswa akan menghasilkan skala pengukuran dengan interval yang sama.

METODE

Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif kualitatif menggunakan metode *Design Based Research* (DBR). Penelitian ini dilakukan pada salah satu perguruan tinggi kota Bandung. Responden penelitian terdiri dari 62 mahasiswa. Instrumen tes terdiri dari 15 soal pilihan ganda yang dikembangkan sesuai dengan indikator praktikum isolasi DNA jeruk lokal Bengkulu. Pengujian kelayakan instrumen ini meliputi: uji unidimensionalitas dan independensi lokal, uji reliabilitas, uji tingkat kesulitan soal, dan uji tingkat kesesuaian item soal. Kualitas instrumen tes ditinjau secara empiris menggunakan Rasch model dengan bantuan *software* Winstep 4.6.0.

Hasil pengolahan dari model Rasch ini akan diinterpretasikan dalam bentuk argumen sehingga dapat memberikan kesimpulan yang komprehensif dari proses pengembangan instrumen yang digunakan dalam penelitian ini berdasarkan aspek validitas dan reliabilitas (Boone & Staver, 2020). Kriteria yang digunakan yakni :

- Nilai *Mean-square Fit Statistic* (MNSQ) merupakan ukuran keacakan dengan rentang $0,5 < \text{MNSQ} < 1,5$. Jika nilai MNSQ lebih rendah dari 0,5 maka pola data sangat mudah ditebak. Jika nilai MNSQ lebih besar dari 1,5 maka data tidak dapat diprediksi.
- Nilai *Standardized Fit Statistic* (ZSTD) merupakan kesesuaian data temuan dengan model. Nilai ZSTD yang diterima yakni $-2,0 < \text{ZSTD} < +2,0$. Dengan nilai ZSTD yang berdampak pada rentang tersebut, maka data dianggap cukup signifikan dan memiliki peran dari perlakuan yang telah diberikan.
- Nilai *Point Measure Correlation* (PT Measure Corr) merupakan pola jawaban responden terhadap soal yang diberikan serta kaitannya dengan peluang terjawabnya soal. Nilai yang diterima : $0,4 < \text{PT Measure Corr} < 0,85$

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pengujian dilakukan berdasarkan nilai yang diperoleh mahasiswa yang sudah pernah belajar tentang isolasi DNA. Pengolahan dari nilai ini menggunakan model rasch dengan program *Winstep* 4.6.0. Dalam melakukan analisis ini terdapat beberapa asumsi yang harus dipenuhi. Asumsi awal yakni asumsi unidimensionalitas dan independensi lokal. Asumsi Unidimensionalitas untuk menunjukkan apakah model mengukur atribut tunggal ataukah majemuk, sedangkan independensi lokal menunjukkan apakah respons terhadap satu butir tidak dipengaruhi oleh respons terhadap butir lainnya. Uji unidimensionalitas pada program *winstep* dilihat pada *output tabel item: dimensionality*. Hasil output analisis dapat dilihat pada Gambar 1.

Table of STANDARDIZED RESIDUAL variance in Eigenvalue units = ITEM information units

	Eigenvalue	Observed	Expected
Total raw variance in observations =	24.1186	100.0%	100.0%
Raw variance explained by measures =	9.1186	37.8%	37.9%
Raw variance explained by persons =	3.6452	15.1%	15.2%
Raw Variance explained by items =	5.4734	22.7%	22.8%
Raw unexplained variance (total) =	15.0000	62.2%	62.1%
Unexplnd variance in 1st contrast =	2.5129	10.4%	16.8%
Unexplnd variance in 2nd contrast =	1.7443	7.2%	11.6%
Unexplnd variance in 3rd contrast =	1.6017	6.6%	10.7%
Unexplnd variance in 4th contrast =	1.4229	5.9%	9.5%
Unexplnd variance in 5th contrast =	1.3618	5.6%	9.1%

Gambar 1. Hasil Asumsi Unidimensionalitas dan Independensi Lokal

Berdasarkan Gambar 1 menggambarkan temuan validitas konstruk pada nilai *Raw variance explained by measures* berdasarkan hasil empiris mencapai 37,8% sedangkan model rasch menargetkan 37,9%. Dalam hal ini, validitas konstruk empiris hampir sama dengan nilai validitas yang diprediksi oleh rasch model. Evaluasi validasi konstruk dinyatakan sangat baik jika *Raw variance explained by measures* $> 40\%$ (Sumintono & Widhiarso, 2015). Penilaian validasi konstruk pada item ini dinilai kurang baik. Namun berdasarkan hasil yang diperoleh perlu dilakukan uji lain untuk melihat dimana faktor yang kurang baik tersebut.

Uji yang dilakukan selanjutnya yakni uji reliabilitas. Nilai reliabilitas secara keseluruhan

dapat dilihat dari nilai *Cronbach Alpha*. Untuk mengetahui tingkat konsistensi responden dapat dilihat dari hasil *Person Reliability*. Sedangkan untuk melihat kualitas per item dalam instrumen ditentukan dari nilai *Item Reliability*. Hasil pengujian ini pada program *winstep* dilihat *summary statistic*. Berdasarkan pengujian yang dilakukan hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa nilai *Cronbach Alpha* sebesar 0,60 yang artinya secara keseluruhan reliabilitas komponen instrumen tersebut cukup baik. Hasil yang diperoleh terlihat pada Gambar 2.

SUMMARY OF 62 MEASURED PERSON								
	TOTAL SCORE	COUNT	MEASURE	MODEL S.E.	INFIT		OUTFIT	
					MNSQ	ZSTD	MNSQ	ZSTD
MEAN	10.2	15.0	1.24	.72	1.00	-.01	.93	.10
SEM	.3	.0	.14	.01	.05	.13	.11	.11
P.SD	2.4	.0	1.13	.10	.38	1.05	.89	.86
S.SD	2.4	.0	1.14	.10	.38	1.06	.90	.86
MAX.	14.0	15.0	3.61	1.12	2.53	3.74	5.43	3.90
MIN.	3.0	15.0	-2.07	.63	.50	-1.74	.16	-1.12

REAL RMSE	.78	TRUE SD	.82	SEPARATION	1.05	PERSON RELIABILITY .53		
MODEL RMSE	.72	TRUE SD	.87	SEPARATION	1.20	PERSON RELIABILITY .59		
S.E. OF PERSON MEAN = .14								

PERSON RAW SCORE-TO-MEASURE CORRELATION = .99								
CRONBACH ALPHA (KR-20) PERSON RAW SCORE "TEST" RELIABILITY = .60 SEM = 1.50								
STANDARDIZED (50 ITEM) RELIABILITY = .83								
SUMMARY OF 15 MEASURED ITEM								

	TOTAL SCORE	COUNT	MEASURE	MODEL S.E.	INFIT		OUTFIT	
					MNSQ	ZSTD	MNSQ	ZSTD
MEAN	42.1	62.0	.00	.39	.98	.08	.93	.11
SEM	3.8	.0	.44	.04	.03	.16	.11	.22
P.SD	14.2	.0	1.65	.14	.11	.58	.41	.81
S.SD	14.7	.0	1.71	.15	.11	.60	.42	.84
MAX.	60.0	62.0	3.11	.75	1.14	1.33	2.03	1.94
MIN.	11.0	62.0	-2.81	.28	.76	-.81	.30	-.93

REAL RMSE	.42	TRUE SD	1.60	SEPARATION	3.76	ITEM RELIABILITY .93		
MODEL RMSE	.42	TRUE SD	1.60	SEPARATION	3.80	ITEM RELIABILITY .94		
S.E. OF ITEM MEAN = .44								

ITEM RAW SCORE-TO-MEASURE CORRELATION = -.97								
Global statistics: please see Table 44.								
UMEAN=.0000 USCALE=1.0000								

Gambar 2. Hasil Analisis Reliabilitas

Uji yang dilakukan selanjutnya yakni tingkat kesulitan item soal (*item measure*). Untuk mengetahui tingkat kesulitan butir soal (*item measure*) dilihat dari nilai logit tiap butir soal yang dapat dilihat pada kolom measure. Nilai logit yang tinggi menunjukkan tingkat kesulitan soal yang paling tinggi. Tabel berikut menunjukkan kategori kelompok soal berdasarkan tingkat kesulitannya. Nilai standar deviasi (SD) pada uji ini adalah 1,65. Kategori kelompok soal berdasarkan tingkat kesulitannya pada Tabel 1.

Tabel 1.

Hasil Distribusi Tingkat Kesulitan Soal

Nilai logit	Kategori	Nomor Soal
Lebih besar dari +1,65 SD	Sangat sulit	10,5
0,0 logit + 1,65 SD	Sulit	4, 1, 3, 6, 13, 15
0,0 logit - 1,65 SD	Sedang	12, 7, 14
Lebih kecil dari - 1,65 SD	Mudah	2, 8, 11, 9

Berdasarkan hasil yang diperoleh pada Tabel 1, soal terdistribusi menjadi 4 kategori yakni sangat sulit, sulit, sedang, dan mudah. Terdapat dua soal yang kategori sangat sulit dengan nilai logitnya lebih besar dari +1,65 SD yakni soal nomor 10 dengan nilai logit 3,11 dan nomor 5 dengan nilai logit 2,09. Enam soal kategori sulit dengan nilai logit antara 0,0 sampai dengan 1,65 SD yakni soal nomor 4,1,3,6, 13, dan 15 dengan nilai logit berturut-turut yakni 1,52; 1,36; 0,79; 0,36; 0,36; 0,36. Tiga soal

kategori sedang dengan nilai logit antara -1,65 sampai dengan 0,0 SD yakni soal nomor 7, 12, dan 14 dengan nilai logit -0,37; -0,37; -0,37. Serta empat soal kategori mudah dengan nilai logit lebih kecil dari -1,65 SD yakni soal nomor 2, 8, 9 dan 11 dengan nilai logit -2,00; -2,00; -2,34; -2,81. Hasil masing-masing *item measure* yang diperoleh pada tiap nomor soal terlihat pada Gambar 3.

ITEM STATISTICS: MEASURE ORDER

ENTRY NUMBER	TOTAL SCORE	TOTAL COUNT	JMLE MEASURE	MODEL S.E.	INFI T	OUTFI T	PTMEASUR-AL CORR.	EXACT MATCH	ITEM
10	11	62	3.11	.36	1.03	.20	2.03	1.94	Q10
5	21	62	2.09	.29	1.12	.99	1.08	.40	Q5
4	28	62	1.52	.28	1.01	.10	1.12	.67	Q4
1	30	62	1.36	.28	1.14	1.33	1.34	1.80	Q1
3	37	62	.79	.29	.99	-.03	.98	-.05	Q3
6	42	62	.36	.30	.90	-.66	.84	-.69	Q6
13	42	62	.36	.30	1.05	.40	1.06	.32	Q13
15	42	62	.36	.30	.88	-.81	.84	-.68	Q15
12	46	62	-.04	.32	1.11	.67	1.06	.30	Q12
7	49	62	-.37	.35	.86	-.64	.87	-.30	Q7
14	49	62	-.37	.35	1.00	.09	.89	-.22	Q14
2	58	62	-2.00	.55	.91	-.07	.59	-.32	Q2
8	58	62	-2.00	.55	.86	-.23	.30	-.93	Q8
11	59	62	-2.34	.63	.76	-.37	.58	-.20	Q11
9	60	62	-2.81	.75	1.02	.23	.36	-.37	Q9
MEAN	42.1	62.0	.00	.39	.98	.08	.93	.11	
P.SD	14.2	.0	1.65	.14	.11	.58	.41	.81	

Gambar 3. Hasil Distribusi Tingkat Kesulitan Soal

Selanjutnya dilakukan uji tingkat kesesuaian item soal (*item fit*). Tingkat kesesuaian butir soal (validitas) yang digunakan untuk menjelaskan apakah butir soal berfungsi normal melakukan pengukuran atau tidak. Menurut Boone *et al* (2014), kriteria yang digunakan untuk memeriksa kesesuaian butir soal yang tidak sesuai (outliers atau misfits) adalah: 1) Nilai *outfit mean square* (MNSQ) yang diterima : $0,5 < \text{MNSQ} < 1,5$, 2) Nilai *outfit Z standar* (ZSTD) yang diterima : $-2,0 < \text{ZSTD} < +2,0$, dan 3) Nilai *point measure correlation* (Pt Measure Corr) yang diterima : $0,4 < \text{PT Measure Corr} < 0,85$. Apabila ditemukan salah satu butir soal dimana nilai MNSQ dan PT Measure Corr tidak memenuhi kriteria namun nilai ZSTD memenuhi kriteria maka butir tersebut masih dianggap fit, artinya butir tersebut tetap dipertahankan. Hasil *item fit* yang diperoleh pada Gambar 4.

ENTRY NUMBER	TOTAL SCORE	TOTAL COUNT	JMLE MEASURE	MODEL S.E.	INFI T	OUTFI T	PTMEASUR-AL CORR.	EXACT MATCH	ITEM
10	11	62	3.11	.36	1.03	.20	2.03	1.94	Q10
1	30	62	1.36	.28	1.14	1.33	1.34	1.80	Q1
4	28	62	1.52	.28	1.01	.10	1.12	.67	Q4
5	21	62	2.09	.29	1.12	.99	1.08	.40	Q5
12	46	62	-.04	.32	1.11	.67	1.06	.30	Q12
13	42	62	.36	.30	1.05	.40	1.06	.32	Q13
9	60	62	-2.81	.75	1.02	.23	.36	-.37	Q9
14	49	62	-.37	.35	1.00	.09	.89	-.22	Q14
3	37	62	.79	.29	.99	-.03	.98	-.05	Q3
2	58	62	-2.00	.55	.91	-.07	.59	-.32	Q2
6	42	62	.36	.30	.90	-.66	.84	-.69	Q6
15	42	62	.36	.30	.88	-.81	.84	-.68	Q15
7	49	62	-.37	.35	.86	-.64	.87	-.30	Q7
8	58	62	-2.00	.55	.86	-.23	.30	-.93	Q8
11	59	62	-2.34	.63	.76	-.37	.58	-.20	Q11
MEAN	42.1	62.0	.00	.39	.98	.08	.93	.11	
P.SD	14.2	.0	1.65	.14	.11	.58	.41	.81	

Gambar 4. Hasil Analisis Item Fit

Berdasarkan hasil analisis *item fit* pada Gambar 4, soal nomor 10 masih perlu perbaikan yang ditunjukkan dengan nilai *outfit* MNSQ nya 2,03 . Pada soal nomor 10, 11, 5, 12, dan 2 nilai *point measure correlation* tidak memenuhi namun soal ini dianggap *fit* atau bisa dipertahankan karena nilai

ZTSD nya masih memenuhi. Secara umum hasil ini menunjukkan bahwa semua soal dinyatakan valid.

KESIMPULAN

Hasil asumsi unidimensionalitas dan independensi lokal cukup baik dengan nilai *Raw variance explained by measures* mencapai 37,8% dan uji tingkat kesesuaian item soal menyatakan semua soal valid. Komponen instrumen memiliki nilai reliabilitas yang baik dengan nilai *Cronbach Alpha* sebesar 0,60. Hasil distribusi tingkat kesulitan soal diperoleh bahwa terdapat 2 butir soal sangat sulit, 5 butir soal sulit, 3 butir soal sedang, dan 4 butir soal mudah. Hasil analisis *item fit* menunjukkan bahwa semua soal valid.

DAFTAR PUSTAKA

- Agustina, A., & Hasanuddin, H. (2021). Hubungan Kekerabatan Fenetik 7 Spesies Jeruk Di Dataran Tinggi Bener Meriah. *Jurnal Jeumpa*, 8(2), 545–553. <https://doi.org/10.33059/jj.v8i2.4398>
- Bayer, R. J., Mabberley, D. J., Morton, C., Miller, C. H., Sharma, I. K., Pfeil, B. E., Rich, S., Hitchcock, R., & Sykes, S. (2009). A molecular phylogeny of the orange subfamily (Rutaceae: Aurantioideae) using nine cpDNA sequences. *American Journal of Botany*, 96(3), 668–685. <https://doi.org/10.3732/ajb.0800341>
- Boone, W. J., & Staver, J. R. (2020). *Advances in Rasch Analyses in the Human Sciences* (1st ed.). The Netherlands: Springer Cham. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-43420-5>
- Burrows, N. L., Ouellet, J., Joji, J., & Man, J. (2021). Alternative Assessment to Lab Reports: A Phenomenology Study of Undergraduate Biochemistry Students' Perceptions of Interview Assessment. *Journal of Chemical Education*, 98(5), 1518–1528. <https://doi.org/10.1021/acs.jchemed.1c00150>
- Francis, N., Morgan, A., Holm, S., Davey, R., Bodger, O., & Dudley, E. (2020). Adopting a flipped classroom approach for teaching molar calculations to biochemistry and genetics students. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 48(3), 220–226. <https://doi.org/10.1002/bmb.21328>
- Kapici, H. O., Akcay, H., & Koca, E. E. (2021). Comparison of the Quality of Written Scientific Arguments in Different Laboratory Environments. *International Journal of Science and Mathematics Education*. <https://doi.org/10.1007/s10763-020-10147-w>
- Luro, F., Baccati, C., Paoli, M., Marchi, E., Costantino, G., Gibernau, M., Ollitrault, P., & Tomi, F. (2022). Phylogenetic and taxonomic status of *Citrus halimii* B.C. Stone determined by genotyping complemented by chemical analysis of leaf and fruit rind essential oils. *Scientia Horticulturae*, 299. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2022.111018>
- Penjor, T., Yamamoto, M., Uehara, M., Ide, M., Matsumoto, N., Matsumoto, R., & Nagano, Y. (2013). Phylogenetic Relationships of Citrus and Its Relatives Based on *matK* Gene Sequences. *PLoS ONE*, 8(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062574>
- Sumintono, B., & Widhiarso, W. (2015). *Aplikasi Pemodelan Rasch pada Assessment Pendidikan* (1st ed.). Trim Komunikata.
- Sun, Y. L., Kang, H. M., Han, S. H., Park, Y. C., & Hong, S. K. (2015). Taxonomy and phylogeny of the genus citrus based on the nuclear ribosomal dna its region sequence. *Pakistan Journal of Botany*, 47(1), 95–101.
- Uyulgan, M. A., & Akkuzu, N. (2018). Educational short videos to utilize in the biochemistry laboratory: Opinions of university students. *Journal of Baltic Science Education*, 17(3), 496–510. <https://doi.org/10.33225/jbse/18.17.496>
- Zulfahmi. (2013). Penanda Dna Untuk Analisis Genetik Tanaman (DNA Markers for Plants Genetic Analysis). *Jurnal Agroteknologi*, 3(2), 41–52.