



PROFIL GENOMIK DAN TRANSKRIPTOMIK POHON PENGHASIL GAHARU *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke

HARTATI



**PROGRAM STUDI SILVIKULTUR TROPIKA
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**



PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “Profil Genomik Dan Transkriptomik Pohon Penghasil Gaharu *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke” adalah karya saya dengan arahan dari komisi pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir laporan disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Agustus 2024

Hartati
E461184062

@HakCiptaIPB University



RINGKASAN

HARTATI. Profil Genomik Dan Transkriptomik Pohon Penghasil Gaharu *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke. Dibimbing oleh ISKANDAR Z. SIREGAR, ULFAH J. SIREGAR, N. SRI HARTATI dan SYAMSIDAH RAHMAWATI.

Gyrinops versteegii, spesies endemik Indonesia dari famili Thymelaeaceae, perlu dilestarikan dan dikembangkan untuk pemuliaan pohon di masa depan guna menjamin produksi gaharu yang berkelanjutan. Permasalahan utama pada *G. versteegii* adalah pertama, identifikasi spesies masih memerlukan verifikasi lebih lanjut. Kedua, potensi hilangnya keanekaragaman genetik *G. versteegii* karena pemanenan besar-besaran spesies ini di habitat aslinya. Ketiga, mekanisme pembentukan gaharu belum sepenuhnya dipahami. Permasalahan ini dapat diatasi dengan ketersediaan data genom dan transkriptom *G. vertegii* melalui pemanfaatan teknologi *Next Generation Sequencing*. Penelitian ini bertujuan memperoleh: (1) profil genom organel kloroplas dan mitokondria *G. versteegii* berbasis data *short-read* yang dapat dimanfaatkan untuk analisis komparatif genom dan identifikasi spesies, (2) konstruksi genom kloroplas *G. versteegii* berbasis data *long-read* yang dapat dimanfaatkan untuk analisis variasi intraspesifik dan filogenetik, dan (3) profil ekspresi gen (transkriptom) yang berkaitan dengan pembentukan gaharu, yaitu gen-gen yang *up-regulated* dan *down-regulated* pada *G. versteegii* yang diinduksi dengan induser asam jasmonat.

Metode *whole genome sequencing* (WGS), yaitu teknologi *short-read sequencing* (Illumina) dan *long-read sequencing* (Oxford Nanopore Technology-ONT), digunakan untuk memproduksi data genom, sementara metode RNA-seq digunakan untuk memperoleh data transkriptom. Genom organel kloroplas dan mitokondria *G. versteegii* di *assembly* dari data *short-read* secara *de novo* menggunakan perangkat khusus untuk *assembly* genom organel, yaitu GetOrganelle v1.7.7.0 dan NOVOplasty v4.3.1. Sementara genom kloroplas dari data *long-read* di *assembly* menggunakan Flye v2.8.2. Anotasi gen pada genom dilakukan dengan GeSeq. Metode RNA-seq digunakan untuk menganalisis transkriptom yang berhubungan dengan pembentukan gaharu pada *G. versteegii* yang diinduksi secara artifisial dengan asam jasmonat. Sekuen transkrip dari *clean read* di *assembly* dengan Trinity v2.8.5., lalu dianotasi dengan Trinotate v3.2.2 menggunakan database publik dengan BLASTp, eggNOG, PFAM, dan SignalP.

Berdasarkan QUAST v.5.0.2., hasil *assembly* genom kloroplas *G. versteegii* memiliki fraksi genom 100%. Hasil anotasi dengan GeSeq menunjukkan kloroplas memiliki struktur sirkuler dengan ukuran 174.814 *base pair* (bp) yang terbagi menjadi empat bagian (*quadripartite*). Dua wilayah pengulangan terbalik (IR) berukuran masing-masing 42.146 bp mengapit satu wilayah salinan tunggal besar (LSC) berukuran 87.282 bp, dan satu wilayah salinan tunggal kecil (SSC) berukuran 3240 bp. Genom kloroplas *G. versteegii* memiliki 99 gen yang mengkode protein, 10 gen RNA ribosom, dan 66 gen tRNA dengan kandungan GC 36,71%. Tiga puluh dua di antaranya diduplikasi di wilayah *inverted repeats*. Genom kloroplas memiliki struktur dan organisasi gen yang sangat terpelihara. Sementara, genom mitokondria yang berhasil di *assembly* berjumlah empat contig, dimana ukuran contig terbesar adalah 400.012 bp. Hasil *assembly* genomnya memiliki fraksi genom 85,343%. Genom mitokondria membentuk struktur kompleks *multipartite* yang terbentuk dari empat kali pengulangan kelompok gen (duplikasi) yang besarnya mencapai 53.886 bp. Kami juga berhasil mengidentifikasi gen dan daerah intergenik yang *highly variable* pada genom kloroplas yang dapat dimanfaatkan

@Hak Cipta Rahmawati PB University



untuk identifikasi spesies, analisis komparatif, analisis variasi intraspesifik dan untuk mengetahui posisi taksonomi *G. versteegii* pada suku Aquilarieae.

Konstruksi genom berdasarkan data *long-read* dilakukan untuk menganalisis variasi intraspesifik pada enam individu *G. versteegii*. Sembilan gen kloroplas, yaitu *matK*, *atpA*, *rpoC1*, *rpoC2*, *cemA*, *rps16*, *rpl33*, *petA* dan *accD*, yang sebagian di antaranya berada di wilayah yang *highly variable*, digunakan untuk melakukan analisis keragaman nukleotida, jarak genetik dan filogenetik. Berdasarkan analisis filogenetik terbukti bahwa sembilan gen tersebut mampu memisahkan *G. versteegii* dari suku Aquilarieae lainnya, sehingga dapat digunakan untuk identifikasi jenis lewat *barcoding*. Hasil analisis keragaman nukleotida dan jarak genetik menunjukkan variasi intraspesifik masih ditemukan pada enam genom kloroplas yang digunakan. Variasi intraspesifik tertinggi ditemukan pada gen *atpA*. Gen *atpA* dan wilayah intergenik *trnL-rpl32* memiliki sekuens yang *highly variable* yang dapat dimanfaatkan untuk identifikasi spesies dan analisis variasi intraspesifik pada *G. versteegii*.

Berdasarkan analisis profil transkriptom, 456.633 transkrip gen berhasil diidentifikasi. Gen-gen ini dapat digunakan untuk memahami mekanisme yang mendasari pembentukan gaharu pada *G. versteegii*, khususnya gen, enzim, dan faktor transkripsi yang terkait dengan biosintesis *sesquiterpene* dan respons pertahanan tanaman terhadap perlakuan induksi. Metode induksi memengaruhi ekspresi gen-gen yang terlibat pada pembentukan gaharu. Pada *G. versteegii* yang diinduksi dengan asam jasmonat ditemukan ekspresi gen TPS 9, TPS 10, *AtuA* dan (-)-*alpha-terpineol synthase*, sedangkan gen *Delta guaiene synthase 2* hanya ditemukan pada tanaman yang dibor tanpa perlakuan asam jasmonat. Data yang diperoleh dari analisis genomik dan transkriptomik dapat digunakan untuk memberikan informasi yang lebih rinci tentang *G. versteegii*, identifikasi spesies, analisis variasi intraspesifik, dan memahami mekanisme pembentukan gaharu melalui gen-gen yang *up-regulated* dan *down-regulated*.

Kata kunci: genom, kloroplas, mitokondria, variasi intraspesifik, transkriptom



SUMMARY

HARTATI. Genomic and Transcriptomic Profile of Agarwood-Producing Tree *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke. Supervised by ISKANDAR Z. SIREGAR, ULFAH J. SIREGAR, N. SRI HARTATI and SYAMSIDAH RAHMAWATI.

Gyrinops versteegii, an endemic Indonesian species from the Thymelaeaceae family, needs to be conserved and developed for future tree breeding to ensure the sustainable production of agarwood. The main problems with *G. versteegii* are as follows. First, species identification which still need further validation. Second, potential loss of genetic diversity of *G. versteegii* due to extensive logging of this species in its natural habitat. Third, the mechanism of agarwood formation is not fully understood, particularly those related to improving the quality of agarwood. This problem can be solved by using a strategy that uses Next Generation Sequencing technology to offer genome and transcriptome data from *G. versteegii*. This study aims to obtain: (1) *G. versteegii* chloroplast and mitochondria organelle genome profiles based on short-read data for comparative genome analysis and species identification, (2) construction of the *G. versteegii* chloroplast genome based on long-read data for intraspecific variations and phylogenetic analysis and (3) gene expression profile (transcriptome) associated with agarwood production, including up- and down-regulated genes in *G. versteegii* induced with jasmonic acid.

Genome data was produced using whole genome sequencing (WGS) method, which used both short-read and long-read sequencing technologies, while transcriptome data was obtained using RNA-seq method. *G. versteegii*'s chloroplast and mitochondrial organelle genomes were constructed de novo from short-read data using specific organelle genome assembly tools, GetOrganelle v1.7.7.0 and NOVOplasty v4.3.1. Meanwhile, the chloroplast genome from long-read data was assembled with Flye v2.8.2. Gene annotation of the genome was performed using GeSeq. The transcriptome associated with agarwood production was analyzed using the RNA-seq method in *G. versteegii* that was previously artificially induced with jasmonic acid. Transcript sequences from clean reads were assembled using Trinity v2.8.5 and annotated with Trinotate v3.2.2. using public database with BLASTp, eggNOG, PFAM, and SignalP.

Based on QUAST v.5.0.2, the *G. versteegii* chloroplast genome assembly have a genome fraction of 100%. Annotation with Geseq showed that *G. versteegii* chloroplast genome is a single circular structure divided into four segments (quadripartite), with a size of 174.814 base pairs (bp). Two inverted repeat regions of 42.146 bp flank one large single copy (LSC) region of 87.282 bp and one small single copy (SSC) region of 3240 bp. The chloroplast genome of *G. versteegii* consists of 99 protein-coding genes, 66 tRNA genes, and 10 ribosomal RNA genes with a 36,71% GC content. Thirty-two of these genes are duplicated in the inverted repeats region. The genes in the chloroplast genome shows remarkably conserved gene structure and organization. In contrast, the mitochondrial genome consists of four circular contigs, with the largest contigs size being 400.012 bp. The genome assembly showed a genome fraction of 85,343%. The mitochondrial genome is a multipartite complex structure formed by up to four-time repeating gene groups (duplicated) with a size reach 53.886 bp. We successfully identified genes and intergenic regions in the cp genome with the highest nucleotide diversity that can be used for species identification, comparative and intraspecific variation analysis and *G. versteegii* taxonomical position analysis in Aquilarieae tribe.

@Hak Cipta dan Hak Penulisan IPB University

IPB University

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



Genome assembly of long-read data was used to study intraspecific variation in six *G. versteegii* individuals. Nine chloroplast genes (*matK*, *atpA*, *rpoC1*, *rpoC2*, *cemA*, *rps16*, *rpl33*, *petA*, and *accD*) were used to analyze the *G. versteegii*'s nucleotide diversity, genetic distance, and phylogenetic relationships. Based on phylogenetic study, it was found that these nine genes were able to separate *G. versteegii* from other Aquilarieae tribe, which makes them valuable for species identification through barcoding. The nucleotide diversity and genetic distance analysis showed intraspecific variation in the six chloroplast genomes used in our study. The highest intraspecific variation was found in the *atpA* gene. The *atpA* gene and the *trnL-rpl32* intergenic region have highly variable sequences that can be used for species identification and analysis of intraspecific variation in *G. versteegii*.

Based on transcriptome profile analysis, 456.633 unigenes were successfully identified. These gene can be used to understand the mechanisms underlying the formation of agarwood in *G. versteegii*, particularly the genes, enzymes, and transcription factors associated with *sesquiterpene* biosynthesis and plant defence responses to jasmonic acid-induced treatment. The induction methods affect the expression of genes involved in the formation of agarwood. The expression of TPS 9, TPS 10, *AtuA* and (-)-*alpha-terpineol synthase* genes were found in the drilled and jasmonic acid-induced treatment, while the *Delta guaiene synthase 2* gene was only found in the plant that were drilled and uninduced with jasmonic acid. Data obtained from genomic and transcriptomic analysis can be used to provide more detailed information about *G. versteegii*, species identification, analysis of intraspecific variation, and understanding the mechanism of agarwood formation through up- regulated and down-regulated genes.

Keywords: chloroplast, genome, intraspecific variation, mitochondria, transcriptome.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2024
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.



PROFIL GENOMIK DAN TRANSKRIPTOMIK POHON PENGHASIL GAHARU *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke

**HARTATI
E461184062**

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor pada
Program Studi Silvikultur Tropika

**PROGRAM STUDI SILVIKULTUR TROPIKA
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**



Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Ujian Tertutup Disertasi:

1. Dr. rar. net. Rahadian Pratama, S. Si., M. Si.
2. Eva Erdayani, S.Si., M. Si., Ph. D.

Promotor Luar Komisi Pembimbing pada Sidang Promosi Terbuka Disertasi:

1. Dr. rar. net. Rahadian Pratama, S. Si., M. Si.
2. Eva Erdayani, S.Si., M. Si., Ph. D.



Judul Disertasi: Profil Genomik dan Transkriptomik Pohon Penghasil Gaharu
Gyrinops versteegii (Gilg.) Domke

Nama : Hartati
NIM : E461184062

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Ir. Iskandar Z. Siregar, M. For. Sc.

Pembimbing 2:
Dr. Dra. N. Sri Hartati, M. Si.

Pembimbing 3:
Prof. Dr. Ir. Ulfah J. Siregar, M. Agr.

Pembimbing 4:
Dr. Ir. Syamsidah Rahmawati, M. Si.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Ir. Prijanto Pamoengkas, M. Sc., F. Trop.
NIP 19631206 198903 1 004

Dekan Fakultas Kehutanan dan Lingkungan:
Prof. Dr. Ir. Naresworo Nugroho, M. S.
NIP 19650122 198903 1002

Tanggal Ujian Tertutup: 17 Juli 2024

Tanggal Lulus: 09 AUG 2024



@Hak cipta milik *IPB University*

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PRAKATA

Segala puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini dapat diselesaikan. Tema penelitian yang dilaksanakan dari bulan April 2021-April 2023 berjudul “Profil Genomik dan Transkriptomik Pohon Penghasil Gaharu *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke.”

Penulis mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah berkontribusi sehingga disertasi ini dapat diselesaikan, yaitu:

1. Prof. Dr. Ir. Iskandar Z. Siregar, M. For. Sc., Dr. Dra. N. Sri Hartati, M. Si., Prof. Dr. Ir. Ulfah J. Siregar, M. Agr., dan Dr. Ir. Syamsidah Rahmawati, M. Si., sebagai komisi pembimbing yang telah memberikan masukan, arahan, bimbingan serta motivasi pada setiap tahapan penyelesaian tugas akhir untuk meraih gelar Doktor di IPB.
2. Dekan Sekolah Pascasarjana, Dekan Fakultas Kehutanan dan Lingkungan, dan Ketua Program Studi Silvikultur Tropika IPB beserta staf administrasi (Pak Haviz dan Pak Ismail) yang telah memberikan kemudahan dalam proses akademik.
3. Direktorat Manajemen Talenta atas beasiswa *Degree By Research* (DBR) yang diberikan dalam menempuh pendidikan program Doktor.
4. Kepala Organisasi Riset Hayati dan Lingkungan (ORHL) BRIN atas kesempatan mendapatkan dana penelitian melalui DIPA ORHL Rumah Program Pemanfaatan dan Biodiversitas Nusantara, serta Kepala Pusat Riset Botani Terapan (PR Boter) dan Kepala Pusat Riset Rekayasa Genetika (PR Rekgen) BRIN yang memberikan izin dan dukungan dalam penyelesaian studi.
5. Ketua Kelompok Riset (Keris) Interaksi Genom dan Lingkungan PR Boter-BRIN, Eva Erdayani, S. Si., M. Si., Ph. D., beserta seluruh rekan-rekan satu Keris.
6. Dr. rar. net. Rahadian Pratama, S. Si., M. Si. dan Dr. Imam Civy Carteally atas bimbingan untuk analisis bioinformatik.
7. Kepala Advanced Lab atas izin penggunaan fasilitas sekuensing *long-read* ONT.
8. Ir. Ayub Muswir atas penggunaan beberapa material tanaman.
9. *My honey*, Eka Wardana, atas segala dukungan, doa dan sebagai teman dalam perjuangan meraih gelar Doktor.
10. Kakak (Ida dan Sri), adik (Leo dan Zulham) dan ponakan (Wastu, Andi, Soraya) serta seluruh keluarga besar atas segenap dukungannya sehingga penulis dapat menyelesaikan studi ini.
11. Rekan-rekan mahasiswa S3 (Efra, Adit, Indriyatno, Fitri, Arin, serta Vilda) dan *Degree by Research* (Dwi, Rudi, Nina, Endang Kintamani) serta rekan yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu atas doa, bantuan, dukungan, tenaga, dan waktu selama penulis menempuh pendidikan program Doktor.

Insyallah semua kebaikan dari bapak, ibu, dan rekan-rekan akan mendapatkan balasan kebaikan dari Allah *Subhanaahu wa ta'ala*. Semoga disertasi ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Agustus 2024

Hartati



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



DAFTAR ISI

	Hal
DAFTAR TABEL	xvi
DAFTAR GAMBAR.....	xvii
DAFTAR LAMPIRAN	xviii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Perumusan Masalah	4
1.3 Tujuan.....	5
1.4 Manfaat	5
1.5 Kebaruan (<i>novelty</i>).....	6
1.6 Ruang Lingkup	7
II TINJAUAN PUSTAKA	9
2.1 <i>Gyrinops versteegii</i> (Gilg.) Domke: Taksonomi dan Sebaran.....	9
2.2 Genom Tanaman.....	10
2.3 Sekuensing Genom	12
2.4 Pemanfaatan Informasi Genom Untuk Identifikasi Jenis, Studi Filogenetik dan Analisis Variasi Genetik	14
2.5 Mekanisme dan Induksi Pembentukan Gaharu.....	16
2.6 Analisis Transkriptomik dan Ekspresi Gen	18
2.7 Platform Teknologi NGS: <i>Long-Read</i> dan <i>Short-Read</i>	19
III PROFIL GENOM ORGANEL <i>Gyrinops versteegii</i> BERDASARKAN DATA <i>SHORT-READ</i>	21
3.1 Pendahuluan.....	21
3.2 Metode	22
3.3 Hasil dan Pembahasan	25
3.4 Simpulan	39
IV KONSTRUKSI GENOM KLOROPLAS SERTA ANALISIS VARIASI GENETIK <i>Gyrinops versteegii</i> (GILG.) DOMKE BERDASARKAN DATA <i>LONG-READ</i>	40
4.1 Pendahuluan.....	40
4.2 Metode Penelitian	40

4.3	Hasil dan Pembahasan	44
4.4	Simpulan	61
V	ANALISIS TRANSKRIPTOM DAN <i>DIFFERENTIAL EXPRESSION</i> PADAPADA <i>GYRINOPS VERSTEEGII</i> (GILG.) DOMKE YANG DIINDUKSI DENGAN INDUSER ASAM JASMONAT.....	62
5.1	Pendahuluan.....	62
5.2	Metode Penelitian	63
5.3	Hasil dan Pembahasan	66
5.4	Simpulan.....	80
VI	PEMBAHASAN UMUM.....	81
VII	SIMPULAN DAN SARAN	86
7.1	Simpulan Umum	87
7.2.	Saran	87
	DAFTAR PUSTAKA.....	89
	LAMPIRAN.....	102
	RIWAYAT HIDUP	109

@Hak cipta milik IPB University

IPB University



DAFTAR TABEL

	Hal
2.1 Sebaran species <i>Gyrinops</i> di Indonesia	9
3.1 Informasi <i>raw reads</i> , <i>filtered reads</i> dan <i>assembly G. versteegii</i> dan <i>A. malaccensis</i> menggunakan NOVOplasty dan GetOrganelle	26
3.2 Komposisi gen genom kloroplas <i>G. versteegii</i> dan <i>A. malaccensis</i> hasil anotasi dengan GeSeq	29
3.3 Komposisi gen genom mitokondria <i>G. versteegii</i> dan <i>A. malaccensis</i> yang di <i>assembly</i> dengan NOVOplasty dan dianotasi dengan GeSeq	33
3.4 Wilayah dengan keragaman nukleotida tertinggi pada genom kloroplas <i>G. versteegii</i> dan <i>A. malaccensis</i>	37
3.5 <i>P-distance</i> intra- dan interspesifik berbasis genom <i>Gyrinops versteegii</i> dan genom kloroplas dari beberapa <i>sister</i> dan <i>outgroup</i> yang diperoleh dari database NCBI	38
4.1 Identitas koleksi <i>G. versteegii</i> dan asalnya	41
4.2 Informasi sampel dan sekuen yang digunakan pada studi filogenetik	43
4.3 Identitas sekuen spesies tanaman yang diambil dari NCBI untuk analisis filogenetik berbasis <i>matK</i> dan <i>rbcL</i>	43
4.4. Data statistik sekuen dari <i>raw reads</i> , <i>filtered reads</i> dan <i>assembled reads</i> enam genotip <i>G. versteegii</i>	45
4.5 Informasi persentase fraksi genom yang diperoleh dari <i>long-read G. versteegii</i> dan contig terpanjang dengan jumlah gen terbanyak	46
4.6 Anotasi gen dari enam genotip genom kloroplas <i>G. versteegii Chloroplast</i> dan genom referensinya	48
4.7 <i>P-distance</i> intra- dan interspesifik antara sekuen gen kloroplas dari genotype <i>G. versteegii</i> dan gen kloroplas dari referensi genom <i>G. walla</i> dan <i>G. versteegii</i> , serta <i>sister</i> dan <i>outgroup</i> yang diperoleh dari database NCBI	54
4.8 Frekuensi motif cpSSRs yang ditemukan pada enam genotip <i>G. versteegii</i> dan genom referensi	59
5.1 Konsentrasi, kemurnian dan nilai RIN RNA total <i>G. versteegii</i> yang diekstrak dengan Tri Reagent	67
5.2 Ringkasan QC hasil RNA-seq	68
5.4 Hasil <i>assembly</i> transkriptom <i>G. versteegii</i> dengan Trinity	68
5.5 Ringkasan QC hasil anotasi	69
5.6 Tingkat ekspresi gen-gen terkait biosintesis <i>sesquiterpene</i> pada <i>G. versteegii</i>	77

DAFTAR GAMBAR

		Hal
1.1	Kerangka pemikiran	8
2.1	Jalur biosintesis seskuiterpen lewat MEV, MPE dan jalur asam jasmonat	18
2.2	Berbagai analisis genom pada tanaman non model melalui aplikasi NGS	20
3.1	Material tanaman dan pengecekan bobot molekul DNA menggunakan Tape Station (Agilent)	23
3.2	Struktur lengkap genom kloroplas dua spesies dari suku Aquilarieae yang diperoleh dari perangkat GetOrganelle dan divisualisasikan dengan OGDRAW dari GeSeq : A) <i>G. versteegii</i> dan B) <i>A. malaccensis</i>	27
3.3	Grafik struktur genom kloroplas berdasarkan GetOrganelle yang divisualisasikan dengan Bandage Image dari usegalaxy.eu	28
3.4	Struktur genom mitokondria spesies <i>G. versteegi</i> yang dirakit dengan NOVOplasty	31
3.5	Grafik struktur genom mitokondria berdasarkan GetOrganelle yang divisualisasikan dengan Bandage Image dari usegalaxy.eu pada <i>G. versteegii</i>	32
3.6	Struktur genom mitokondria spesies <i>A. malaccensis</i> yang dirakit dengan NOVOplasty	32
3.7	Perbandingan batas wilayah antara LSC, IR, dan SSC antara genom kloroplas <i>G. verstegii</i> dan <i>A. malaccensis</i> hasil <i>assembly</i> dengan NOVOplasty dan GetOrganelle	36
3.8	Daerah kloroplas dengan keragaman nukleotida tertinggi	37
3.9	Pohon filogenomik antara spesies dari suku Aquilarieae yang dikonstruksi menggunakan sekuen lengkap genom kloroplas	38
4.1	Struktur linier genom parsial kloroplas <i>G. versteegii</i> yang dirakit dengan perangkat Flye	48
4.2	Keragaman nukleotida Pi intraspesifik dan interspesifik pada <i>G. versteegii</i> berdasarkan sembilan gen kloroplas	53
4.3	Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan gen kloroplas <i>matK</i>	56
4.4	Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan sembilan gen kloroplas	57
4.5	Konstruksi pohon filogenetik berdasarkan genom kloroplas	57
4.6	Jumlah mikrosatelit pada kloroplas <i>G. versteegii</i>	59
5.1	Diagram alir analisis bioinformatik dari QC, <i>assembly</i> , anotasi dan analisis DEG	65
5.2	Elektroforesis RNA total pada TBE agarose 1% bersama dengan <i>Ladder Riboruler High Range RNA</i>	67
5.3	Pengukuran RIN sampel <i>G. versteegii</i> dengan Tape Station	67
5.4	Klasifikasi <i>gene ontology</i> pad <i>G. versteegii</i>	70
5.5	<i>Volcano plot</i> DEG <i>G. versteegii</i> DIJA vs UNDIJA	71
5.6	<i>Volcano plot</i> DEG <i>G. versteegii</i> DWIJA vs UNDIJA	72
5.7	<i>Volcano plot</i> DEG <i>G. versteegii</i> DIJA vs DWIJA	72
5.8	Sepuluh peringkat teratas gen yang <i>up-regulated</i> pada <i>G. versteegii</i> yang diberi perlakuan DIJA vs UNDIJA, DWIJA vs UNDIJA dan DIJA vs DWIJA	74



Sepuluh peringkat teratas gen yang <i>down-regulated</i> pada <i>G. versteegii</i> yang diberi perlakuan DIJA vs UNDIJA, DWIJA vs UNDIJA dan DIJA vs DWIJA	75
Beberapa faktor transkripsi yang mengalami <i>up-regulated</i> dan <i>down-regulated</i> pada perlakuan DIJA vs UNDIJA	78
Beberapa faktor transkripsi yang mengalami <i>up-regulated</i> dan <i>down-regulated</i> pada perlakuan DWIJA vs UNDIJA	79

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR LAMPIRAN

	Hal	
1		
2		
3		
4		
1	Sepuluh gen yang <i>up-regulated</i> dan <i>down-regulated</i> pada <i>G. versteegii</i> yang diberi perlakuan di bor dan diinduksi dengan asam jasmonat dibanding kontrol	102
2	Perbedaan faktor transkripsi yang terlibat pada <i>G. versteegii</i> yang diinduksi dengan dibor dan diberi induser asam jasmonat dan yang dibor saja	104
3	Klasifikasi <i>gene ontology</i> (GO) pada <i>G. versteegii</i>	105
4	Daftar Riwayat Hidup	109

@Hak cipta milik IPB University

IPB University

