

- 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.

PENYUSUNAN GENOM MITOKONDRIA DAN NUKLEUS *Hermetia illucens* ASAL INDONESIA MENGGUNAKAN PACBIO REVIO HIFI

ZALFA RIHADATUL AISYA



**PROGRAM STUDI BIOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@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.

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Penyusunan Genom Mitokondria dan Nukleus *Hermetia illucens* Asal Indonesia Menggunakan PacBio Revio HiFi” adalah karya saya dengan arahan dari komisi pembimbing, yaitu Dr. Dimas Andrianto S.Si., M.Si, Dr. Rini Madyastuti Purwono, S.Si., Apt., M.Si, dan Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si yang 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 tesis ini.

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

Bogor, 29 Juni 2026

Zalfa Rihadatul Aisyah
NIM. G8501251023



@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.

RINGKASAN

ZALFA RIHADATUL AISYA. Penyusunan Genom Mitokondria dan Nukleus *Hermetia illucens* Asal Indonesia Menggunakan PacBio Revio HiFi. Dibimbing oleh DIMAS ANDRIANTO, RINI MADYASTUTI PURWONO dan RAHADIAN PRATAMA.

Indonesia memproduksi sampah sebesar 25,038 juta ton per tahun, yang mana sebanyak 40,75% adalah sisa makanan. Salah satu inovasi terkini menggunakan maggot *Black Soldier Fly* (*Hermetia illucens*, 1758) yang memiliki kemampuan dalam mengurai sampah organik dan memberikan nilai ekonomi tambahan berupa pupuk bekas maggot (kasgot) dan pakan ternak tinggi protein. Namun, budidaya *H. illucens* sebagian besar dilakukan secara massal tanpa strategi pembiakan khusus yang menyebabkan kepunahan pada generasi ke-5 akibat keragaman genetik yang menurun. Oleh karena itu, tujuan dari penelitian ini adalah merakit genom nukleus dan genom mitokondria *H. illucens*, anotasi fungsi gen dan mengevaluasi hubungan kekerabatannya dengan negara lain.

Metode penelitian ini dilakukan dengan ekstraksi DNA genom menggunakan Magen *HiPure DNA Soil Kit*, kemudian dievaluasi dengan mengukur kadar, kemurnian dan integritasnya dengan Quantus Fluorometer, *LVis Plate* nanospektro, dan elektroforesis gel. Selanjutnya, sampel yang memenuhi kriteria disekuensing menggunakan PacBio Revio HiFi menghasilkan *raw reads*. Analisis bioinformatika dilakukan untuk perakitan dan anotasi genom nukleus dan mitokondria, analisis varian, dan rekonstruksi pohon filogenetik.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa sampel MG A2 berhasil disekuensing menggunakan PacBio Revio HiFi dengan kualitas pembacaan Q41 dari total 9 juta fragmen DNA. Perakitan genom mitokondria diperoleh sepanjang 15.668 bp yang dianotasi menjadi 13 *protein-coding genes*, 2 rRNA, 22 tRNA, dan sebuah *control region* (*D-loop*) sepanjang 724 bp yang memiliki struktur *tandem repeats* motif 10 bp pada koordinat 303–542. *Coverage* genom mitokondria 100% dengan *mean of depth* sebesar 3294x yang menunjukkan setiap basa dibaca hingga 3294 kali oleh mesin. Analisis varian mengidentifikasi 555 SNP yang terdistribusi di daerah ekson (84,71%), intergenik (9,17%), dan transkrip (6,12%). Mutasi SNP yang ditemukan dominan bersifat *synonymous* (91,94%). Sebagian kecil mutasi bersifat *missense* yang menyebabkan perubahan asam amino dan berkontribusi terhadap perubahan proses biologis pada fosforilasi oksidatif, respirasi aerobik dan respirasi selular.

Perakitan genom nukleus berukuran 3,03 Gb dengan komposisi sekuens repetitif 64,98% dari total genom. Kelengkapan genom nukleus mencapai 95,1%. Namun, duplikasi yang dilaporkan BUSCO sebesar 77,4%. Tahapan pembuangan duplikasi tidak mengurangi nilai evaluasi BUSCO dan ukuran genom secara masif. Selanjutnya, prediksi gen dari genom nukleus diperoleh 58.992 CDS dengan klasifikasi COG dominan pada kategori fungsi yang tidak diketahui (S) sebesar 27,25%.

Kata kunci: filogenetik, genom, maggot, mitokondria, PacBio



SUMMARY

ZALFA RIHADATUL AISYA. Mitochondrial and Nuclear Genome Assembly of *Hermetia illucens* from Indonesia Using PacBio Revio HiFi. Supervised by DIMAS ANDRIANTO, RINI MADYASTUTI PURWONO and RAHADIAN PRATAMA

Indonesia generates 25.038 million metric tons of waste annually, with food waste accounting for 40.75% of the total volume. Bioconversion utilizing Black Soldier Fly (*Hermetia illucens*, 1758) larvae represents a prominent innovation to mitigate organic waste while generating economic byproducts, including frass fertilizer and high-protein animal feed. However, conventional *H. illucens* farming is predominantly conducted en masse without targeted breeding strategies, rendering colonies highly susceptible to population collapse by the fifth generation due to a severe decline in genetic diversity. Consequently, this study aimed to construct de novo assemblies of both the nuclear and mitochondrial genomes of *H. illucens*, perform functional gene annotations, and elucidate its phylogenetic relationships on a global scale.

Genomic DNA extraction was performed using the Magen HiPure DNA Soil Kit. The concentration, purity, and structural integrity of the extracted DNA were systematically evaluated using a Quantus Fluorometer, an LVis Plate Nanospectrophotometer, and agarose gel electrophoresis, respectively. Qualified samples were sequenced via the PacBio Revio HiFi platform to generate high-fidelity long reads. Subsequent bioinformatic pipelines encompassed de novo genome assembly, functional annotation of the nuclear and mitochondrial components, variant calling, and phylogenetic tree reconstruction.

Sequencing of the MG A2 sample yielded 9 million DNA fragments with a high-accuracy read quality score of Q41. The assembled mitochondrial genome spanned 15,668 bp, encoding 13 protein-coding genes, 2 rRNAs, and 22 tRNAs, alongside a 724 bp control region (D-loop) containing a 10 bp tandem repeat motif localized at coordinates 303–542. The mitogenome achieved 100% breadth of coverage with a mean depth of 3,294x. Variant analysis identified 555 SNP distributed across exonic (84.71%), intergenic (9.17%), and transcript (6.12%) regions. The identified SNPs were predominantly synonymous mutations (91.94%). A minor fraction constituted missense mutations that induce amino acid substitutions, potentially modulating biological processes involved in oxidative phosphorylation, aerobic respiration, and cellular respiration.

The assembled nuclear genome was estimated at 3.03 Gb, with repetitive elements constituting 64.98% of the total sequence. BUSCO analysis indicated a genome completeness of 95.1%, accompanied by a high duplication rate of 77.4%. Implementing a deduplication pipeline did not marginally alter either the BUSCO completeness metrics or the macro-scale genome size. Furthermore, ab initio gene prediction of the nuclear genome resolved 58,992 CDS, with COG classification revealing a predominance of the "function unknown" (S) category at 27.25%.

Keywords: phylogenetic, genome, maggot, mitochondria, PacBio



@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.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2025
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.



@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.

Perpustakaan IPB University

**PENYUSUNAN GENOM MITOKONDRIA DAN NUKLEUS
Hermetia illucens ASAL INDONESIA MENGGUNAKAN
PACBIO REVIO HIFI**

ZALFA RIHADATUL AISYA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister pada
Program Studi Biokimia

**PROGRAM STUDI BIOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@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.



Judul Tesis

: Penyusunan Genom Mitokondria dan Nukleus *Hermetia illucens*
Asal Indonesia Menggunakan PacBio Revio HiFi
Nama : Zalfa Rihadatul Aisya
NIM : G8501251023

Nama
NIM

@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.

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

Dr. Dimas Andrianto, S.Si., M.Si.



Pembimbing 2:

Dr. Rini Madyastuti Purwono, S.Si., Apt., M.Si.



Pembimbing 3:

Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si.



Diketahui oleh

Ketua Program Studi:

Dr. Syamsul Falah, S.Si., M.Si.
NIP. 197005032005011001



Dekan Fakultas:

Dr. Berry Juliandi, S.Si., M.Si.
NIP. 197807232007011001



Tanggal Lulus:

Tanggal Ujian:
29 Juni 2026



@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.



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan dari Agustus 2025 sampai Mei 2026 ini ialah genomik, dengan judul “Penyusunan Genom Mitokondria dan Nukleus *Hermetia illucens* Asal Indonesia Menggunakan PacBio Revio HiFi”.

Penulis mengucapkan terima kasih atas dukungan dan doa dari berbagai pihak dalam penyusunan usulan penelitian. Ucapan terima kasih secara khusus penulis sampaikan kepada:

1. Kedua orang tua penulis yaitu Bapak Eko Sarwanto Prihandoyo dan Ibu Finalia Raharja
2. Dr. Dimas Andrianto S.Si., M.Si sebagai ketua komisi pembimbing
3. Dr. Rini Madyastuti Purwono, S.Si., Apt., M.Si selaku dosen pembimbing kedua
4. Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si selaku dosen pembimbing ketiga
5. PT. Biomagg yang telah menyediakan sampel larva maggot BSF sebagai bahan utama dalam penelitian
6. Gugun Gunawan dan Irfan Darmawan sebagai karyawan PT. Biomagg yang telah membantu proses pengambilan sampel mini larva maggot BSF
7. *Integrated Genome Factory* (IGF), Yayasan Satriabudi Dharma Setia (YSDS) dan PaninBank yang telah memberikan dukungan pendanaan sekuensing PacBio Revio HiFi
8. Indra Lesmana, S.Si., M.Sc atas bantuan teknis selama proses sekuensing sampel dan transfer data hasil sekuensing menggunakan PacBio Revio HiFi
9. Mela Molina Sadly dan Catellia Auliany Achyar atas bantuan, kerja sama dan diskusi dalam proses penelitian *wet lab* maupun *dry lab*
10. Seluruh dosen dan pegawai Departemen Biokimia, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor

Bogor, 29 Juni 2026

Zalfa Rihadatul Aisya



@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

DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR GAMBAR	xiii
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
1.5 Ruang Lingkup	2
1.6 Hipotesis	3
1.7 Kebaruan (Novelty)	3
II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Maggot <i>Black Soldier Fly</i>	5
2.2 Genom Serangga	6
2.3 Genom <i>Black Soldier Fly</i>	7
2.4 <i>Whole Genome Sequencing</i>	8
2.5 Platform Sekuensing	9
2.6 Analisis Bioinformatika Genomik	12
2.7 Heterozigositas Genom	13
2.8 Instrumen Analisis DNA	14
III METODE	17
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	17
3.2 Alat dan Bahan	17
3.3 Prosedur Kerja	17
3.4 Analisis Bioinformatika	21
IV HASIL PENELITIAN	25
4.1 Kontrol Kualitas Ekstraksi DNA	25
4.2 <i>Quality Control Reads</i>	26
4.3 Perakitan Genom Mitokondria	28
4.4 Karakteristik Struktur dan Profil <i>D-loop</i>	29
4.5 Analisis Varian Genom Mitokondria	30
4.6 <i>Gene Ontology Biology Process Enrichment</i>	30
4.7 Pohon Filogenetik	31
4.8 <i>Profiling</i> dan Estimasi Ukuran Genom Nukleus	31
4.9 Perakitan Genom Nukleus	32
V PEMBAHASAN	39
5.1 Analisis Kadar, Kemurnian dan Integritas DNA	39
5.2 Evaluasi Data <i>Quality Control Reads</i>	40
5.3 Genom Mitokondria	42
5.4 Analisis Varian dan <i>Gene Ontology</i>	44
5.5 Pohon Filogenetik	44
5.6 Genom Nukleus	45



VI	SIMPULAN	51
6.1	Simpulan	51
6.2	Saran	51
	DAFTAR PUSTAKA	53
	LAMPIRAN	61
	RIWAYAT HIDUP	71

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 TABEL

1	Perbandingan genom serangga	6
2	Analisis kadar dan kemurnian DNA	25
3	Verifikasi kadar, kemurnian dan fragmentasi DNA	26
4	<i>Quality control reads</i> sampel MG A2	26
5	Hasil identifikasi situs metilasi DNA	28
6	Perbandingan genom mitokondria <i>H. illucens</i>	29
7	Daftar gen dari genom mitokondria <i>H. illucens</i> asal Indonesia	29
8	Perbandingan <i>tandem repeats</i> pada <i>D-loop</i> genom mitokondria	30
9	Analisis <i>profiling</i> dan estimasi ukuran genom nukleus	32
10	Perbandingan statistik QC perakitan genom nukleus <i>H. illucens</i>	33
11	Perbandingan hasil BUSCO setelah tahapan <i>purge duplicates</i>	34
12	Statistika anotasi genom dan sekuens repetitif dari genom nukleus	35

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram lingkup penelitian	2
2	Siklus hidup <i>H. illucens</i>	5
3	Perakitan genom <i>H. illucens</i> asal Eropa	7
4	Perkembangan sekuensing	8
5	Prinsip kerja sanger	9
6	Prinsip kerja Illumina	10
7	Prinsip kerja MinION	11
8	Prinsip kerja PacBio	12
9	SpectroSTAR Nano	14
10	Quantus fluorometer	15
11	Elektroforesis gel agarosa	16
12	Diagram alir <i>library preparation</i>	20
13	Visualisasi elektroforesis	25
14	Histogram dan grafik <i>quality control</i> SMRT Link	27
15	Genom mitokondria <i>H. illucens</i> asal Indonesia	28
16	Distribusi dan klasifikasi fungsional SNP pada genom mitokondria	30
17	<i>Dot plot Gene Ontology</i> kategori BP pada genom mitokondria	31
18	Pohon filogenetik berbasis genom mitokondria utuh	31
19	Grafik linear dari profil genom nukleus	32
20	Distribusi kedalaman pembacaan genom nukleus	33
21	BlobtoolKit <i>snail plot</i> draf genom nukleus <i>H. illucens</i> asal Indonesia	34
22	Klasifikasi fungsional sekuens CDS berdasarkan kelompok COG	36
23	Klasifikasi fungsional berdasarkan GO 20 teratas pada sekuens CDS	37
24	Ilustrasi pembentukan <i>D-loop</i>	43
25	Jenis sekuens DNA repetitif	44
26	Algoritma hifiasm	46

DAFTAR LAMPIRAN

27	Alur penelitian	62
28	Karakteristik morfologi dan lingkungan sampel	63
29	Distribusi varian nukleotida daerah ekson genom mitokondria	63
30	Komposisi dan distribusi sekuens repetitif pada genom nukleus	64
31	Distribusi dan klasifikasi fungsional menggunakan <i>eggNOG-mapper</i> pada genom nukleus	65
32	<i>Bash</i> terminal untuk konversi dan kompresi data mentah	66
33	<i>Syntax</i> Rstudio diagram batang GO pada genom nukleus <i>H. illucens</i>	66
34	<i>Syntax</i> Rstudio <i>dot plot</i> GO (BP) pada genom mitokondria	67
35	<i>Syntax</i> Rstudio <i>pie chart</i> COG pada genom nukleus	68

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.