

STUDI GENOM ORGANEL BAMBU TALI (*Gigantochloa apus*) MENGUNAKAN TEKNOLOGI *NEXT-GENERATION* *SEQUENCING*

NATASYA KHAIRUNNISA



**PROGRAM STUDI SILVIKULTUR TROPIKA
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
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 “Studi Genom Organel Bambu Tali (*Gigantochloa apus*) Menggunakan Teknologi *Next-Generation Sequencing*” adalah karya saya dengan arahan dari dosen 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 oleh 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, Agustus 2026

Natasya Khairunnisa
E4501251013



RINGKASAN

NATASYA KHAIRUNNISA. Studi Genom Organel Bambu Tali (*Gigantochloa apus*) Menggunakan Teknologi *Next-Generation Sequencing*. Dibimbing oleh ISKANDAR ZULKARNAEN SIREGAR dan FIFI GUS DWIYANTI.

Gigantochloa apus merupakan salah satu spesies bambu asli Indonesia yang memiliki nilai ekologis dan ekonomi penting, namun informasi mengenai genetika molekuler dan genomiknya masih sangat terbatas sehingga membatasi pengembangan konservasi, pemuliaan, dan seleksi varietas unggul berbasis molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji perkembangan penelitian genetika *G. apus* melalui pendekatan bibliometrik serta menyediakan informasi genetik dasar melalui karakterisasi genom organel, identifikasi gen berdasarkan anotasi fungsional, dan identifikasi penanda *simple sequence repeat* (SSR). Analisis bibliometrik dilakukan menggunakan data publikasi Scopus yang dianalisis dengan VOSviewer, sedangkan karakterisasi genom dilakukan menggunakan pendekatan *hybrid sequencing* yang mengombinasikan data *long-read* Oxford Nanopore Technologies dan *short-read* Illumina, kemudian dilanjutkan dengan *assembly*, anotasi genom, analisis filogenetik, dan identifikasi SSR. Hasil penelitian menunjukkan bahwa penelitian genetika pada marga *Gigantochloa* masih relatif terbatas dan didominasi oleh kajian filogenetik berbasis DNA kloroplas, sehingga informasi genomik *G. apus* masih menjadi salah satu kesenjangan dalam penelitian. Karakterisasi genom organel menghasilkan plastom lengkap dengan struktur dan organisasi gen yang konservatif, sedangkan mitogenom hanya berhasil dikarakterisasi secara parsial. Anotasi genom mengidentifikasi berbagai gen yang, berdasarkan fungsinya, berkaitan dengan fotosintesis, metabolisme energi, sintesis protein, dan proses biologis lainnya, sementara analisis SSR menghasilkan sejumlah lokus mikrosatelit beserta kandidat primer yang berpotensi dimanfaatkan sebagai penanda molekuler. Secara keseluruhan, penelitian ini menyediakan sumber daya genom organel pertama bagi *G. apus* serta memberikan landasan ilmiah bagi pengembangan penelitian genomik, filogenetik, konservasi, pemuliaan, dan pengembangan varietas unggul bambu pada masa mendatang.

Kata kunci: bibliometrik, filogenetik, mikrosatelit, mitogenom, plastom

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.



SUMMARY

NATASYA KHAIRUNNISA. Organelle Genome Study of *Gigantochloa apus* using Next-Generation Sequencing Technology. Supervised by ISKANDAR ZULKARNAEN SIREGAR and FIFI GUS DWIYANTI.

Gigantochloa apus is one of Indonesia's native bamboo species with significant ecological and economic value. However, information regarding its molecular genetics and genomics remains very limited, thereby constraining the development of molecular-based conservation, breeding, and superior variety selection. This study aimed to examine the development of genetic research on *G. apus* through a bibliometric approach and to provide fundamental genetic information through organelle genome characterization, gene identification based on functional annotation, and simple sequence repeat (SSR) marker identification. Bibliometric analysis was conducted using publication data retrieved from the Scopus database and analyzed with VOSviewer, whereas genome characterization was performed using a hybrid sequencing approach combining long-read data generated by Oxford Nanopore Technologies and short-read Illumina data, followed by genome assembly, genome annotation, phylogenetic analysis, and SSR identification. The results showed that genetic research on the genus *Gigantochloa* remains relatively limited and predominantly focused on chloroplast DNA-based phylogenetic studies, indicating that genomic information on *G. apus* remains a major research gap. Organelle genome characterization successfully generated a complete plastome with a conserved genome structure and gene organization, whereas the mitogenome was characterized only partially. Genome annotation identified numerous genes whose functions are associated with photosynthesis, energy metabolism, protein synthesis, and other biological processes. Meanwhile, SSR analysis identified several microsatellite loci, along with candidate primers that could be utilized as molecular markers. Overall, this study provides the first organelle genomic resources for *G. apus* and establishes a scientific foundation for future research on genomics, phylogeny, conservation, breeding, and the development of superior bamboo varieties.

Keywords: bibliometric, microsatellite, mitogenome, phylogenetic, plastome



@Hak cipta milik 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 mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026
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.

STUDI GENOM ORGANEL BAMBU TALI (*Gigantochloa apus*) MENGUNAKAN TEKNOLOGI *NEXT-GENERATION* *SEQUENCING*

NATASYA KHAIRUNNISA

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

**PROGRAM STUDI SILVIKULTUR TROPIKA
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@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.

Tim Penguji pada Ujian Tesis:
Prof. Dr. Ir. Naresworo Nugroho, MS.



Judul Tesis : Studi Genom Organel Bambu Tali (*Gigantochloa apus*)
Menggunakan Teknologi *Next-Generation Sequencing*
Nama : Natasya Khairunnisa
NIM : E4501251013

Disetujui oleh

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

Pembimbing 2:
Fifi Gus Dwiyanti, S.Hut., M.Agr., Ph.D.

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. Dodik Ridho Nurrochmat, M.Sc.F.Trop
NIP 19700329 199608 1 001



Tanggal Ujian: 27 Juli 2026

Tanggal Lulus:

10 AUG 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.



@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



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga tesis ini berhasil diselesaikan dengan judul “Studi Genom Organel Bambu Tali (*Gigantochloa apus*) Menggunakan Teknologi *Next-Generation Sequencing*.” Penulis menyadari bahwa penyusunan tesis ini tidak terlepas dari bimbingan, bantuan, serta dukungan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, secara khusus penulis menyampaikan ucapan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Iskandar Z. Siregar, M.For.Sc. dan Ibu Fifi Gus Dwiyantri, S.Hut., M.Agr., Ph.D., selaku komisi pembimbing yang telah memberikan bimbingan, arahan, masukan, serta motivasi sejak menempuh pendidikan pada jenjang sarjana hingga penyelesaian studi magister serta telah memfasilitasi selama proses penelitian di laboratorium hingga analisis data.
2. Olivia Olgarine Siringo Ringo, selaku rekan seperjuangan yang telah bersama-sama menjalani penelitian dengan saling bertukar ide, berdiskusi, serta memberikan dukungan sepanjang proses studi.
3. Bang Irsyad Kamal, selaku senior di Laboratorium Genetika Hutan dan Molekuler Kehutanan, yang dengan sabar meluangkan waktunya untuk membantu dan membimbing saat menghadapi berbagai kendala selama penelitian.
4. Seluruh keluarga besar Laboratorium Genetika Hutan dan Molekuler Kehutanan yang telah menciptakan suasana kerja yang menyenangkan serta berbagai pengalaman berharga selama proses penelitian.
5. Keluarga penulis atas doa, dukungan, perhatian, serta bantuan moral maupun materiil yang senantiasa diberikan selama penulis menempuh pendidikan.
6. Sahabat terdekat penulis, Balqis, Dinda, dan Novie, yang bersedia menjadi tempat berbagi cerita, keluh kesah, serta memberikan semangat dan dukungan dalam setiap proses, terutama saat penulis menghadapi berbagai tantangan selama penelitian.
7. Teman-teman Program Sinergi yang telah bersama-sama berjuang, saling mendukung, berbagi pengalaman, dan saling memberikan semangat selama menjalani perkuliahan.
8. Teman-teman semasa Program Sarjana yang hingga saat ini tetap menjaga silaturahmi, memberikan dukungan, serta menjadi pengingat bagi penulis untuk sesekali beristirahat dan menikmati setiap proses yang telah dilalui.
9. Seluruh pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu, namun telah memberikan bantuan, doa, dukungan, serta kontribusi dalam berbagai bentuk selama penyelesaian penelitian dan penyusunan tesis ini.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan serta bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Agustus 2026

Natasya Khairunnisa



@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	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Bambu Tali (<i>Gigantochloa apus</i>)	4
2.2 Keanekaragaman Genetik dan Pemuliaan Tanaman	5
2.3 Genom Organel Tumbuhan	5
2.4 Teknologi Sekuensing Genomik	7
2.5 Penanda SSR (<i>Simple Sequence Repeat</i>)	8
III TINJAUAN SISTEMATIS PENELITIAN GENETIKA DAN BUDIDAYA BAMBU TALII (<i>Gigantochloa apus</i>)	11
3.1 Abstrak	11
3.2 Pendahuluan	12
3.3 Metode Penelitian	15
3.4 Hasil dan Pembahasan	18
3.5 Simpulan	29
IV ANALISIS GENOM ORGANEL BAMBU TALII (<i>Gigantochloa apus</i>) Menggunakan Metode <i>Hybrid Sequencing</i>	31
4.1 Abstrak	31
4.2 Pendahuluan	32
4.3 Metode Penelitian	35
4.4 Hasil dan Pembahasan	41
4.5 Simpulan	69
V PEMBAHASAN UMUM	71
5.1 Tren dan Kesenjangan Riset Genetik <i>G. apus</i>	71
5.2 Implikasi karakterisasi genom organel superior dan non-superior <i>G. apus</i> pada Studi Genetik dan Budidaya	72
5.3 Limitasi Penelitian	73
VI SIMPULAN DAN SARAN	75
6.1 Simpulan	75
6.2 Saran	75
DAFTAR PUSTAKA	76
LAMPIRAN	95
RIWAYAT HIDUP	98



DAFTAR TABEL

1	<i>State of the Art</i> Penelitian	15
2	Kombinasi kata kunci yang digunakan pada basis data Scopus	16
3	Data statistik kualitas bacaan (<i>reads</i>) hasil sekuensing sampel	42
4	Jumlah gen hasil anotasi sekuens plastom <i>G. apus</i>	48
5	Jumlah gen hasil anotasi contig mitogenom <i>G. apus</i> superior (R2T)	51
6	Jumlah gen hasil anotasi contig mitogenom <i>G. apus</i> non-superior (R7S)	54
7	Kelompok fungsional gen dalam plastom <i>G. apus</i>	58
8	Kelompok fungsional gen dalam mitogenom <i>G. apus</i>	63
9	Ringkasan tipe mikrosatelit sempurna hasil SSR Mining pada <i>G. apus</i> superior (R2T)	68
10	Ringkasan tipe mikrosatelit sempurna hasil SSR Mining pada <i>G. apus</i> non-superior (R7S)	69

DAFTAR GAMBAR

1	Proses seleksi literatur menggunakan metode PRISMA <i>flow chart</i>	17
2	Tren tahunan publikasi penelitian bambu global dari tahun 1993 hingga 2026	19
3	Distribusi geografi penelitian bambu global dari tahun 1993 hingga 2026	20
4	Analisis bibliometrik penelitian bambu global	21
5	Komposisi penelitian berdasarkan genus pada skala global	22
6	Analisis bibliometrik penelitian bambu di Indonesia	23
7	Distribusi penelitian berdasarkan genus pada skala nasional	24
8	Analisis bibliometrik studi genetik pada genus <i>Gigantochloa</i>	25
9	Lokasi persebaran rumpun 2 (R2) dan rumpun 7 (R7) bambu tali (<i>Gigantochloa apus</i>) di arboretum bambu kampus IPB Dramaga (Khairunnisa <i>et al.</i> 2025)	36
10	Perbandingan <i>read length</i> dan rata-rata <i>read quality</i> sekuensing <i>long-read</i> ONT <i>G. apus</i> . (a) sampel superior (R2T), dan (b) sampel non-superior (R7S)	43
11	Sebaran kualitas bacaan (<i>reads</i>) sekuensing <i>short-read</i> Illumina <i>G. apus</i> . (a) sampel superior (R2T), dan (b) sampel non-superior (R7S)	44
12	Visualisasi hasil rakitan genom kloroplas (plastom) sampel <i>G. apus</i> . (a) sampel superior (R2T), dan (b) sampel non-superior (R7S)	45
13	Hasil konstruksi genom kloroplas (plastom) <i>G. apus</i> superior (R2T)	46
14	Hasil konstruksi genom kloroplas (plastom) <i>G. apus</i> non-superior (R7S)	47
15	Visualisasi hasil rakitan genom mitokondria (mitogenom) sampel <i>G. apus</i> . (a) sampel superior (R2T), dan (b) sampel non-superior (R7S)	49
16	Hasil konstruksi parsial mitogenom <i>G. apus</i> superior (R2T). (a) <i>contig</i> 1, dan (b) <i>contig</i> 2	53
17	Hasil konstruksi parsial mitogenom <i>G. apus</i> non-superior (R7S). (a) <i>contig</i> 4, (b) <i>contig</i> 12, dan (c) <i>contig</i> 15	55
18	Analisis filogenetik complete chloroplast genome <i>Gigantochloa apus</i>	56



DAFTAR LAMPIRAN

1	Kandidat primer SSR <i>G. apus</i> superior (R2T)	96
2	Kandidat primer SSR <i>G. apus</i> non-superior (R7S)	97

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.