

PRESISI PERAKITAN GENOM BAKTERI: PERAN SEKUENSING HIBRID DENGAN PLATFORM *OXFORD NANOPORE TECHNOLOGIES* DAN *ILLUMINA*

RAVA RAISHA PUTRA



**DEPARTEMEN BOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@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 SKRIPSI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “Presisi Perakitan Genom Bakteri: Peran Sekuensing Hibrid Dengan Platform *Oxford Nanopore Technologies* Dan *Illumina*” 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 dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir skripsi ini.

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

Bogor, Maret 2025

Rava Raisha Putra
G8401211014



ABSTRAK

Rava Raisha Putra. “Presisi Perakitan Genom Bakteri: Peran Sekuensing Hibrid dengan Platform *Oxford Nanopore Technologies* Dan *Illumina*”. Dibimbing oleh RAHADIAN PRATAMA dan LINDA SUKMARINI.

Perakitan genom yang akurat dan kontinu merupakan aspek penting dalam studi genomik bakteri, khususnya *Streptomyces* yang berpotensi menghasilkan senyawa bioaktif. Penelitian ini bertujuan membandingkan perakitan genom *Streptomyces* sp. BTA 1-131 dengan metode perakitan hibrid (penggabungan platform Oxford Nanopore Technologies dan Illumina) dan metode Illumina. Hasil menunjukkan bahwa metode hibrid menghasilkan perakitan lebih kontinu dengan 12 kontig (N50 5,2 Mb), sementara Illumina saja menghasilkan 134 kontig (N50 157 kb). Metode hibrid juga lebih baik dalam identifikasi rRNA dan tRNA, serta mengurangi prediksi berlebih *coding DNA sequences* (CDSs). Analisis resistensi antibiotik mengidentifikasi gen *gimA*, *oleC*, *vanRO*, dan *Sris_parY_AMU* pada kedua metode, tetapi gen *cml* hanya ditemukan pada rakitan Illumina saja. Dengan demikian, metode *hybrid* menghasilkan perakitan genom yang lebih utuh dan berkualitas tinggi.

Kata kunci: *hybrid sequencing*, Illumina, Oxford Nanopore, perakitan genom, *Streptomyces* sp. BTA 1-131.

ABSTRACT

Rava Raisha Putra. “Precision in Bacterial Genome Assembly: The Role of Hybrid Sequencing Using Oxford Nanopore Technologies and Illumina Platforms”. Supervised by RAHADIAN PRATAMA and LINDA SUKMARINI.

An accurate and continuous genome assembly is essential in bacterial genomics, especially for *Streptomyces*, which has the potential to produce bioactive compounds. This study compares the genome assembly of *Streptomyces* sp. BTA 1-131 using a hybrid method (combining Oxford Nanopore Technologies and Illumina platforms) and an Illumina method. The hybrid method produced a more continuous assembly with 12 contigs (N50 of 5.2 Mb), while the Illumina method generated 134 contigs (N50 of 157 kb). The hybrid assembly also outperformed in identifying rRNA and tRNA elements and reduced the over-prediction of coding DNA sequences (CDS). Antibiotic resistance analysis identified the *gimA*, *oleC*, *vanRO*, and *Sris_parY_AMU* genes in both assemblies, but the *cml* gene was detected only in the Illumina method. Therefore, the hybrid assembly provides a more complete and higher-quality genome reconstruction.

Keywords: genome assembly, hybrid sequencing, Illumina, Oxford Nanopore, *Streptomyces* sp. BTA 1-131,



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.

**PRESISI PERAKITAN GENOM BAKTERI: PERAN
SEKUENSING HIBRID DENGAN PLATFORM *OXFORD
NANOPORE TECHNOLOGIES* DAN *ILLUMINA***

RAVA RAISHA PUTRA

Skripsi

sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar

Sarjana pada

Program Studi Biokimia

**DEPARTEMEN BIOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@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.

Tim Penguji pada Ujian Skripsi:

1. Ukhradiya Magharaniq Safira Purwanto, S.Si, M.Si.
2. Prof. Dr. Waras Nurcholis, S.Si, M.Si.



Judul Skripsi : Presisi Perakitan Genom Bakteri: Peran Sekuensing Hibrid Dengan Platform *Oxford Nanopore Technologies* Dan *Illumina*
Nama : Rava Raisha Putra
NIM : G8401211014

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M. Si.
NIP : 202208198902051001

Pembimbing 2:
Dr. rer. nat. Linda Sukmarini, M. Eng
NIP. 198103292005022002

Diketahui oleh

Ketua Departemen:
Prof. Dr. Mega Safithri, S.Si., M.Si
NIP 197709152005012002



Tanggal Ujian:

Tanggal Lulus:

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 kehadiran Allah SWT atas rahmat dan kasih sayang-Nya sehingga penelitian ini dapat diselesaikan dengan judul “Presisi Perakitan Genom Bakteri: Peran Sekuensing Hibrid Dengan Platform *Oxford Nanopore Technologies* Dan *Illumina*”. Skripsi ini disusun sebagai salah satu syarat untuk melakukan penelitian tugas akhir di Departemen Biokimia.

Keberhasilan penyusunan penelitian ini tidak terlepas dari dukungan dan bimbingan berbagai pihak. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M. Si. (Departemen Biokimia, IPB) dan Dr. rer. nat. Linda Sukmarini, M. Eng. (Pusat Riset Mikrobiologi Terapan, Badan Riset dan Inovasi Nasional/BRIN) selaku pembimbing atas arahan dan saran yang sangat berharga. Ucapan terima kasih juga penulis sampaikan kepada kedua orang tua, Bony Pujiarto dan Reni Resdiantisari. Tak lupa, penulis juga berterima kasih kepada teman-teman penulis yaitu, Azka Aulia Yudanegara, Bagus Tri Cahyono, Widaryanto, Fariz Fadhilah, dan Ahmad Fakhrurozi Ramdhani, dan teman-teman Teenage Novel yang telah memberikan bantuan selama proses penyusunan skripsi.

Penulis menyadari bahwa skripsi ini masih jauh dari sempurna. Oleh karena itu, kritik dan saran yang membangun sangat diharapkan untuk perbaikan di masa mendatang. Semoga skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi penulis, pembaca, serta kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, 23 Mei 2025

Rava Raisha Putra



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	viii
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR LAMPIRAN	viii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	3
1.5 Hipotesis	3
II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 <i>Streptomyces</i>	5
2.2 Platform Sekuensing	6
2.3 Genom dan Analisis Bioinformatika	8
III METODE	11
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	11
3.2 Alat dan Bahan	11
3.3 Prosedur Kerja	12
IV HASIL	15
4.1 Kualitas sekuens luaran Illumina dan ONT	15
4.2 Kualitas Rakitan Genom	16
4.3 Anotasi Genom	18
4.4 Identifikasi Gen Resistensi	19
V PEMBAHASAN	21
VI SIMPULAN DAN SARAN	25
6.1 Simpulan	25
6.2 Saran	25
DAFTAR PUSTAKA	27
LAMPIRAN	33



DAFTAR TABEL

1	Taksonomi <i>Streptomyces</i> (Anderson dan Wellington 2001)	5
2	Daftar obat yang dihasilkan oleh <i>Streptomyces</i> (Quinn <i>et al.</i> 2020)	5
3	Statistik kualitas luaran sekuensing	15
4	Hasil pengecekan kualitas rakitan genom <i>Streptomyces</i> sp. BTA 1-131	17
5	Hasil pengecekan kelengkapan genom dengan CheckM	17
6	Hasil pengecekan kelengkapan gen-gen konservatif dengan BUSCO	18
7	Hasil anotasi genom <i>Streptomyces</i> sp. BTA 1-131	18
8	Hasil analisis gen dengan CARD Database pada rakitan genom <i>Streptomyces</i> sp. BTA 1-131	19

DAFTAR GAMBAR

1	Prinsip sekuensing Illumina (Baum 2021)	7
2	Prinsip sekuensing ONT (Baum 2021)	8
3	Grafik kualitas luaran sekuensing ONT	15
4	Grafik kualitas luaran sekuensing: (a). Data sekuens Illumina <i>forward</i> , (b). Data sekuens Illumina <i>reverse</i>	16
5	Visualisasi perakitan sekuens dengan Bandage: (a). Illumina, hasil sekuens tidak teratur dan menghasilkan banyak fragmen kontig (b). hibrid, hasil sekuens teratur dan menghasilkan sedikit fregmen kontig	16

DAFTAR LAMPIRAN

1	Alur penelitian	34
2	Daftar urutan gen resistensi terhadap antibiotik dari rakitan Illumina melalui CARD Database	35
3	Daftar urutan gen resistensi terhadap antibiotik dari rakitan hibrid melalui CARD Database	35
4	Grafik pengecekan kelengkapan gen-gen konservatif dengan BUSCO	36