



## **KONSTRUKSI DRAFT GENOM mtDNA BADAK SUMATERA *Dicerorhinus sumatrensis* AKURASI TINGGI MENGGUNAKAN MGI DNBSEQ G-50**

**FRIDA YULIASARI MONOARFA**



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

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 “Konstruksi Draft Genom mtDNA Badak Sumatera *Dicerorhinus sumatrensis* Akurasi Tinggi Menggunakan MGI DNBSEQ G-50” 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, Agustus 2025

Frida Yuliasari Monoarfa  
G8401211066

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 mengurangi kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



## ABSTRAK

FRIDA YULIASARI MONOARFA. Konstruksi Draft Genom mtDNA Badak Sumatera *Dicerorhinus sumatrensis* Akurasi Tinggi Menggunakan MGI DNBSEQ G-50. Dibimbing oleh RAHADIAN PRATAMA dan DEDY DURYADI.

Badak sumatera merupakan hewan yang dilindungi, oleh karena itu dilakukannya penelitian genetik untuk mengidentifikasi keragaman dan hubungan genetik pada badak sumatera sebagai langkah menentukan strategi konservasi. Penelitian *whole genome sequencing* menggunakan platform MGI DNBSEQ-G50 dilakukan untuk memperoleh DNA mitokondria. Hasil data WGS berkualitas tinggi diperoleh sebesar 456.97 juta bacaan dengan jumlah total basa mencapai 45,62 Gb dan nilai Q30 mencapai 93,11%, Q20 mencapai 97,60% dan kandungan GC sebesar 41,39%. Data WGS kemudian dilakukan *assembly* dengan GetOrganelle dan anotasi gen dengan MitoFish *annotator* sehingga mitogenom berhasil dirakit berukuran 16.559 bp, melingkar, dan mitogenom menunjukkan keberadaan 13 gen pengkode protein, 22 tRNA, 2 rRNA dan D-Loop. Analisis hubungan genetik antar spesies badak sumatera dengan badak lainnya dilihat dari pohon filogenetik metode *neighbor-joining* (NJ) dan *Mean Pairwise Distance* (MPD) menggunakan gen ND4L dan *cytochrome b* menunjukkan hasil bahwa badak sumatera berkerabat dekat dengan membentuk satu klade dan memiliki nilai rata-rata perbedaan nukleotida (*k*) terpendek dengan badak purba *Stephanorhinus cf. kirchbergensis*.

Kata kunci : *Dicerorhinus sumatrensis*, MGI- DNBSEQ, mtDNA, pohon filogenetik.

## ABSTRACT

FRIDA YULIASARI MONOARFA. Construction of Draft Sumatran Rhino *Dicerorhinus sumatrensis* mtDNA Genome High Accuracy using MGI DNBSEQ G-50. Supervised by RAHADIAN PRATAMA and DEDY DURYADI.

The Sumatran rhinoceros, a protected endangered species, is the subject of genetic studies to assess its diversity and kinship, providing a basis for conservation strategies. Whole genome sequencing (WGS) research using the MGI DNBSEQ G-50 platform was conducted to obtain mitochondrial DNA. The results obtained were of high quality, amounting to 456.97 million reads with a total number of bases reaching 45.62 Gb and Q30 score at 93,11%, Q20 score at 97,60%, and GC content value at 41,39%. The mitogenome was successfully assembled using GetOrganelle and MitoFish Annotator measuring with a size of 16,559 bp, circular, and in the mitogenome showed the complete gene presence of 13 protein coding genes, 12 tRNAs, and 2 rRNA, and a D-Loop. Analysis of genetic relationship between Sumatran rhino and other rhinos seen from the phylogenetic tree using the neighbor-joining (NJ) and mean pairwise distance methods using the ND4L and cytochrome B genes shows that Sumatran rhinos are closely related by forming one clade and have the sorthest average nucleotide difference (*k*) value with the ancient *Stephanorhinus cf. kirchbergensis*.

Keywords: *Dicerorhinus sumatrensis*, MGI-DNBSEQ, mtDNA, *phylogenetic tree*



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 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.



**KONSTRUKSI DRAFT GENOM mtDNA BADAK  
SUMATERA *Dicerorhinus sumatrensis* AKURASI TINGGI  
MENGGUNAKAN MGI DNBSEQ G-50**

**FRIDA YULIASARI MONOARFA**

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 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 Pengujii pada Ujian Skripsi:

1 Dr. Dimas Andrianto, S.Si,M.Si  
2 Prof. Waras Nurcholis, S.Si.,M.Si



Nama  
NIM

©Hak cipta milik IPB University

Judul Skripsi : Konstruksi Draft Genom mtDNA Badak Sumatera *Dicerorhinus sumatrensis* Akurasi Tinggi Menggunakan MGI DNBSEQ G-50  
: Frida Yuliasari Monoarfa  
: G8401211066

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

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

Pembimbing 2:

Dr. Ir. Dedy Duryadi DEA

Diketahui oleh

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



Tanggal Ujian: 01 Agustus 2025

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 kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan September 2024 sampai bulan Mei 2025 ini ialah biomolekuler dan bioinformatika dengan judul “Konstruksi Draft Genom mtDNA Badak Sumatera *Dicerorhinus sumatrensis* Akurasi Tinggi Menggunakan MGI DNBSEQ G-50”.

Penulis menyampaikan terima kasih kepada semua pihak yang telah memberikan bantuan dan bimbingan:

1. Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si. selaku pembimbing I yang telah memberikan ilmu, membimbing dan mengarahkan penulis dalam penyusunan proposal penelitian penulis dari awal hingga akhir.
2. Dr. Ir. Dedy Duryadi DEA selaku pembimbing II atas bimbingan dan bantuan yang telah diberikan dalam diizinkannya penulis mengerjakan penelitian badak sumatera individu ratu dan penyusunan proposal penelitian penulis sampai selesai.
3. TIM Peneliti Assited Reproductive Tecnology, ART dan Bio-Bank SKHB IPB yang telah membantu dalam pengambilan sampel pada penelitian ini.
4. Laboratorium PT. Saraswanti Indo Genetech yang telah membantu dukungan melakukan sekruensi.
5. Alam Putra Persada dan Wildan Alsyad Fadly selaku Genom Laboratorium staff, Biotech center, IPB yang telah membantu penelitian di Laboratorium Konservasi Genetika dan Genom PAU Bioteknologi.
6. Orang tua, Papa dan Mama, yang telah membiayai dan mendukung penuh selama kegiatan perkuliahan serta adik penulis Fadira Nuramini Monoarfa yang telah mendukung dan memberikan bantuan dan semangat sehingga penulis bisa menyelesaikan penelitian ini untuk kelulusan S1.
7. Andrey Ericson yang telah memberikan dukungan selama perkuliahan berlangsung.
8. Terimakasih kepada teman-teman penulis, Catellia, Monita, Kukuh, dan Aldy selama perkuliahan yang sudah selalu menemani perjalanan menuju S1 ini.

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

Bogor, Agustus 2025

*Frida Yuliasari Monoarfa*

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	xii
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
I PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	1
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
1.5 Hipotesis	3
II TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Badak Sumatera di Indonesia	4
2.2 Studi Genomik	6
2.3 Gen Mitokondria	8
2.4 Bioinformatika	11
2.5 Pohon Filogenetik	13
2.6 <i>Next Generation Sequencing</i>	16
III METODE	
3.1 Waktu dan Tempat	20
3.2 Alat dan Bahan	20
3.3 Prosedur Kerja	20
3.4 Analisis Bioinformatika	22
IV HASIL	
4.1 Hasil Elektroforesis	24
4.2 Hasil Whole Genome Sequencing Badak Sumatera dengan MGI DNBSEQ G-50	24
4.3 Quality Control dan Filtering Draft Genom Badak Sumatera	25
4.4 Konstruksi dan Analisis Evolusi Genom Mitokondria	29
4.5 Analisis Filogenetik	32
V PEMBAHASAN	
5.1 Isolasi DNA	39
5.2 Analisis Kualitas Data Hasil <i>Short Reads Sequencing</i> dengan MGI DNBSEQ G-50	39
5.3 Konstruksi Mitogenom Badak Sumatera	40
5.4 Hubungan Kekerabatan Badak Sumatera dengan Spesies Badak Lainnya.	41
VI SIMPULAN DAN SARAN	
6.1 Simpulan	48
6.2 Saran	48
DAFTAR PUSTAKA	
LAMPIRAN	

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.



1	Perbedaan karakteristik gen mtDNA dan nDNA	11
2	Hasil <i>quality control</i> dan <i>filtering</i> menggunakan FastP v0.24.1	28
3	Panjang sekuens masing-masing gen pada mtDNA badak sumatera	31
4	Identitas dan sumber sekuens gen ND4L yang digunakan penelitian ini	32
5	Identitas dan sumber sekuens gen cytochrome b yang digunakan pada penelitian ini.	33
6	Perbandingan variasi nukleotida antar pasangan spesies berdasarkan gen ND4L.	35
7	Perbandingan variasi nukleotida antar pasangan spesies berdasarkan gen <i>cytochrome b</i> .	36
DAFTAR GAMBAR		
8	Spesies badak yang tersisa di dunia	4
9	<i>Dicerorhinus sumatrensis</i>	5
10	Skema studi genomik untuk konservasi	8
11	Struktur DNA mitokondria pada manusia	10
12	Rangkaian analisis bioinformatika yang dilakukan penelitian ini.	13
13	Komponen pohon filogenetik	13
14	Urutan penggerjaan konstruksi pohon filogenetik	15
15	Perkembangan teknologi sekuensing selama empat dekade terakhir	17
16	Gambaran umum tentang beragam teknologi NGS	17
17	Gambaran umum bagan alir penggerjaan sekuensing oleh MGI (MGISEQ 2000)	18
18	Hasil elektroforesis UV-Vis	24
19	Grafik kualitas basa pada <i>read 1</i> sebelum <i>filtering</i>	25
20	Grafik kualitas basa pada <i>read 2</i> sebelum <i>Filtering</i>	26
21	Grafik kualitas basa pada <i>read 1</i> setelah <i>filtering</i>	27
22	Grafik kualitas basa pada <i>read 2</i> setelah <i>filtering</i>	27
23	Menunjukkan genom mitokondria badak sumatera individu Ratu	30
24	Pohon filogenetik berdasarkan sekuens gen ND4L	34
25	Pohon filogenetik berdasarkan sekuens gen cytochrome b.	35
26	Visualisasi kekerabatan Spesies badak sumatera berdasarkan rata-rata nukleotida (k) berdasarkan ND4L	37
27	Visualisasi kekerabatan Spesies badak sumatera berdasarkan rata-rata nukleotida (k) berdasarkan cyt B.	37
28	Struktur genom mtDNA manusia	43
29	Proses fosforilasi oksidatif dan produksi ROS dalam mitokondria	44
30	Pohon filogenetik dengan metode Inferensi Bayesian pada penyelarasan enam protein	46



## **DAFTAR LAMPIRAN**

31	Diagram alir penelitian	61
32	Hasil anotasi gen DNA mitokondria dengan <i>Mitofish Annotator</i>	60
33	Visualisasi hasil assembly mtDNA dengan Bandage menandakan DNA mitokondria berhasil ter-assembly	69
34	Pairwise distance model Kimura-2-Parameter	70

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 mengurangi kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.