UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Optimasi Metode Ekstraksi DNA untuk Analisis Genomik Nematoda Puru Akar Padi (Meloidogyne graminicola) Menggunakan PCR (Polymerase Chain Reaction) dan Sanger Sequencing
RENDYTA MORINDYA, Dr. Ir. Siwi Indarti, M.P. ; Alan Soffan, S.P., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Nematoda puru akar (*Meloidogyne graminicola*) adalah salah satu nematoda parasitik yang menyerang tanaman padi yang menyebabkan terbentuknya puru pada akar. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui metode ekstraksi dan jumlah nematoda *M. graminicola* yang paling optimal untuk keperluan analisis genomik nematoda berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan *Sanger Sequencing*. Metode ekstraksi DNA yang digunakan pada penelitian ini adalah metode CTAB, SDS dan Kit Komersial (*GeneAid Tissue/Blood DNA Mini Kit).* Seluruh metode ekstraksi tersebut dapat digunakan untuk keperluan analisis genomik nematoda berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan *Sanger Sequencing* menggunakan satu ekor nematoda baik pada stadia Juvenile 2 maupun betina dewasa yang dibantu dengan proses penghancuran nematoda dengan perlakuan pembekuan. Hal tersebut dibuktikan dengan teramplifikasinya seluruh DNA template dengan primer Mg-F3 dan Mg-R2 melalui PCR dengan ukuran ±370bp. Hasil metode ekstraksi DNA nematoda menggunakan 1 ekor nematoda betina maupun juvenile 2 pada selurh metode ekstraksi DNA juga dapat digunkanan untuk pengujian *Sanger Sequencing* dan memperoleh ±372bp hasil penjajaran kedua hasil sequence forward dan reverse.

Kata kunci : *Meloidogyne graminicola,* ekstraksi DNA, analisis genomic, *polymerase chain reaction, sanger sequencing*

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Optimasi Metode Ekstraksi DNA untuk Analisis Genomik Nematoda Puru Akar Padi (Meloidogyne graminicola) Menggunakan PCR (Polymerase Chain Reaction) dan Sanger Sequencing
RENDYTA MORINDYA, Dr. Ir. Siwi Indarti, M.P. ; Alan Soffan, S.P., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Root-knot nematode (*Meloidogyne graminicola*) is one of the parasitic nematodes that attack rice plants causing the formation of knot on the roots. This study aims to determine the optimal DNA extraction methods and number of nematodes *M. graminicola* for nematode genomic analysis based on PCR (Polymerase Chain Reaction) and Genome Sequencing. The DNA extraction method used in this research is the DNA extraction method using the CTAB, SDS and Commercial Kits (GeneAid Tissue/Blood DNA Mini Kit) methods. All of these extraction methods can be used for nematode genomic analysis based on PCR (Polymerase Chain Reaction) and Sanger Sequencing using one nematode, both at Juvenile 2 stage and adult females, assisted by the process of destroying nematodes by freezing treatment. This is evidenced by the amplification of all DNA templates with primers Mg-F3 and Mg-R2 through PCR with a size of ±370bp. All extraction methods using a female and a juvenile 2 nematodes can also be tested for Sanger Sequencing and obtain ±372bp alignment results for both forward and reverse sequences

Key word : *Meloidogyne graminicola*, DNA extraction, methods, Genomic analysis, polymerase chain reaction, sanger sequencing