

**KARAKTERISASI GEN *pet* PENYUSUN KOMPLEKS SITOKROM b6f PADA
GENOM KLOROPLAS *Fragaria* × *ananassa* ‘Mencir’ BERBASIS *CHLOROPLAST
GENOME SEQUENCING***

Tika Nur Amini
22/506053/BI/11156

Dosen Pembimbing: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

INTISARI

Stroberi merupakan komoditas hortikultura bernilai ekonomi tinggi yang berpotensi dikembangkan di Indonesia. Salah satu kultivar lokal yang banyak dibudidayakan adalah *Fragaria* × *ananassa* ‘Mencir’, yang dikenal memiliki kemampuan adaptasi yang baik di berbagai kondisi lingkungan. Dasar molekuler yang mendukung kemampuan adaptasi kultivar ini masih belum banyak dikaji. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengarakterisasi enam gen kloroplas penyusun kompleks sitokrom b6f, yaitu *petA*, *petB*, *petD*, *petG*, *petL*, dan *petN* pada stroberi ‘Mencir’ berbasis *complete chloroplast genome*. Analisis meliputi karakterisasi struktur gen, identifikasi motif konservatif, prediksi struktur tiga dimensi protein, serta analisis *codon usage bias* (CUB), dengan perbandingan terhadap kultivar dan spesies lain dalam genus *Fragaria* maupun famili Rosaceae. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keenam gen *pet* pada stroberi ‘Mencir’ memiliki struktur gen yang seragam. Gen *petA*, *petG*, *petL*, dan *petN* tidak mengandung intron, sedangkan gen *petB* dan *petD* mengandung intron dengan pola yang konsisten pada spesies pembanding. Analisis motif menunjukkan bahwa susunan motif pada seluruh gen *pet* bersifat seragam dan tidak menunjukkan perbedaan spesifik pada tingkat kultivar. Prediksi struktur tiga dimensi protein menunjukkan kemiripan struktur yang tinggi antar kultivar dan spesies pembanding, termasuk pada pembanding lintas genus, tanpa adanya perbedaan struktural yang mencolok. Analisis CUB memperlihatkan bahwa gen *pet* memiliki preferensi terhadap kodon berakhiran A/T dan menunjukkan pola penggunaan kodon yang berbeda dibandingkan gen kloroplas lainnya. Secara keseluruhan, penelitian ini memberikan gambaran komprehensif mengenai karakteristik struktur gen, motif protein, struktur tiga dimensi, serta pola penggunaan kodon gen *pet* pada stroberi ‘Mencir’. Data yang dihasilkan dapat menjadi dasar informasi molekuler untuk studi kloroplas dan penelitian genomik lanjutan pada stroberi.

KATA KUNCI: Gen *pet*, Kloroplas, Mencir, Stroberi

CHARACTERIZATION OF *pet* GENES ENCODING THE CYTOCHROME b6f COMPLEX IN THE CHLOROPLAST GENOME OF *Fragaria* × *ananassa* ‘Mencir’ BASED ON CHLOROPLAST GENOME SEQUENCING

By

Tika Nur Amini
22/506053/BI/11156

Supervisor: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Strawberry is a horticultural crop with high economic value and strong potential for development in Indonesia. One widely cultivated local cultivar is *Fragaria* × *ananassa* ‘Mencir’, which is known for its good adaptability to diverse environmental conditions. However, the molecular basis underlying this adaptability has not been thoroughly investigated. This study aimed to identify and characterize six chloroplast genes encoding the cytochrome b6f complex, *petA*, *petB*, *petD*, *petG*, *petL*, and *petN*, in strawberry ‘Mencir’ based on complete chloroplast genome. The analyses included gene structure characterization, conserved motif identification, three-dimensional protein structure prediction, and codon usage bias (CUB) analysis, with comparisons to other cultivars and species within the genus *Fragaria* and the family Rosaceae. The results showed that all six *pet* genes in strawberry ‘Mencir’ have a uniform gene structure. The *petA*, *petG*, *petL*, and *petN* genes lack introns, whereas *petB* and *petD* contain introns with consistent patterns among the reference species. Conserved motif analysis revealed that the motif composition of all *pet* genes is uniform and does not exhibit cultivar-specific variation. Three-dimensional protein structure prediction demonstrated a high degree of structural similarity among cultivars and reference species, including intergeneric comparisons, with no pronounced structural differences observed. Codon usage bias (CUB) analysis indicated that *pet* genes preferentially use A/T-ending codons and display codon usage patterns distinct from other chloroplast genes. Overall, this study provides a comprehensive overview of the gene structure, protein motif composition, three-dimensional protein architecture, and codon usage patterns of *pet* genes in strawberry ‘Mencir’. The generated data serve as a molecular reference for chloroplast studies and further genomic research in strawberry.

KEY WORDS: chloroplast, *pet* genes, ‘Mencir’, strawberry