

Karakterisasi dan Analisis Komparatif *Complete Chloroplast Genome* Stroberi (*Fragaria* × *ananassa* ‘Mencir’)

Andreas Wibisono

22/494101/BI/10962

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

INTISARI

Stroberi (*Fragaria* × *ananassa*) merupakan komoditas hortikultura bernilai ekonomi tinggi yang terus dikembangkan di Indonesia, namun kualitas kultivar lokal masih tertinggal dibandingkan varietas impor. Stroberi ‘Mencir’ adalah salah satu kultivar lokal unggulan yang berpotensi dikembangkan lebih lanjut, karena memiliki adaptabilitas lingkungan yang baik. Pengembangan pemuliaan berbasis molekuler pada kultivar ini memerlukan ketersediaan data genom dasar yang akurat dan komprehensif. Genom kloroplas dipilih sebagai target analisis karena strukturnya yang relatif konservatif, diwariskan secara uniparental, serta informatif untuk identifikasi kultivar dan kajian evolusi. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi genom kloroplas stroberi lokal Indonesia kultivar ‘Mencir’ menggunakan pendekatan *whole genome sequencing* (WGS) berbasis teknologi *long-read Oxford Nanopore*. Genom kloroplas dirakit secara *de novo* dan dianalisis meliputi struktur genom, distribusi *simple sequence repeats* (SSR), pola *relative synonymous codon usage* (RSCU), variasi genomik, serta dinamika batas wilayah *inverted repeat* (IR). Genom kloroplas ‘Mencir’ memiliki panjang total 155.568 bp dengan struktur quadripartite khas yang terdiri atas wilayah LSC (85.551 bp), SSC (18.145 bp), dan sepasang IR (25.936 bp), serta kandungan GC sebesar 37,23%. Analisis SSR mengidentifikasi sebanyak 42 lokus SSR dan didominasi motif mononukleotida dengan bias basa A/T, terutama pada wilayah LSC dan daerah intergenik. Analisis RSCU terhadap 87 gen pengkode protein menunjukkan preferensi kuat terhadap kodon berakhiran A/U. Analisis batas IR menunjukkan struktur IR yang konservatif tanpa ekspansi atau kontraksi signifikan. Perbandingan genom menggunakan mVISTA serta analisis SNP–InDel mengungkap bahwa diferensiasi genom kloroplas ‘Mencir’ terutama ditentukan oleh variasi nukleotida pada wilayah LSC dan daerah intergenik, termasuk InDel spesifik-kultivar pada intron *petD*, gen *atpI*, serta wilayah *trnQ-psbK* dan *rps2-rpoC2*. Temuan ini menegaskan potensi genom kloroplas sebagai sumber marka molekuler diagnostik untuk identifikasi kultivar dan pemuliaan stroberi lokal.

KATA KUNCI: Genom, Kloroplas, Mencir, Sekuensing

Complete Chloroplast Genome Characterization and Comparative Analysis of Strawberry (*Fragaria × ananassa* ‘Mencir’)

By

Andreas Wibisono
22/494101/BI/10962

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

ABSTRACT

Strawberry (*Fragaria × ananassa*) is a high-value horticultural crop that continues to be developed in Indonesia; however, the quality of local cultivars remains inferior to that of imported varieties. ‘Mencir’ is a promising Indonesian local cultivar with good environmental adaptability and potential for further improvement. The development of molecular-based breeding strategies for this cultivar requires the availability of accurate and comprehensive genomic resources. The chloroplast genome was selected as the analytical target due to its relatively conserved structure, uniparental inheritance, and high informativeness for cultivar identification and evolutionary studies. This study aimed to characterize the chloroplast genome of the Indonesian local strawberry cultivar ‘Mencir’ using whole-genome sequencing (WGS) based on long-read Oxford Nanopore technology. The chloroplast genome was de novo assembled and analyzed for genome structure, simple sequence repeat (SSR) distribution, relative synonymous codon usage (RSCU) patterns, genomic variation, and inverted repeat (IR) boundary dynamics. The ‘Mencir’ chloroplast genome is 155,568 bp in length and exhibits a typical quadripartite structure consisting of a large single-copy (LSC) region (85,551 bp), a small single-copy (SSC) region (18,145 bp), and a pair of inverted repeats (25,936 bp), with an overall GC content of 37.23%. SSR analysis identified 42 SSR loci, predominantly mononucleotide motifs with a strong A/T bias, mainly distributed in the LSC and intergenic regions. RSCU analysis of 87 protein-coding genes revealed a strong preference for codons ending in A/U. IR boundary analysis indicated a conserved IR structure without significant expansion or contraction. Comparative analyses using mVISTA and SNP–InDel detection revealed that differentiation of the ‘Mencir’ chloroplast genome is primarily driven by nucleotide variation in the LSC and intergenic regions, including cultivar-specific InDels in the *petD* intron, *atpI* gene, and the *trnQ-psbK* and *rps2-rpoC2* regions. These findings highlight the potential of the chloroplast genome as a source of diagnostic molecular markers for cultivar identification and the genomic-assisted breeding of local strawberries.

KEYWORDS: chloroplast, genome, ‘Mencir’, sequencing