

**KARAKTERISASI GEN *ndh* PENYANDI KOMPLEKS NADH
DEHYDROGENASE-LIKE PADA STROBERI (*Fragaria* × *ananassa* (Weston)
Duchesne ‘Mencir’) BERDASARKAN COMPLETE CHLOROPLAST GENOME**

Tan Rendy
22/493022/BI/10937

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

INTISARI

Stroberi (*Fragaria* × *ananassa*) adalah tanaman hortikultura introduksi dengan perkembangan yang pesat di Indonesia. Salah satu kultivar lokal yang adaptif adalah ‘Mencir’, yang memiliki buah besar, tahan penyakit, serta mampu beradaptasi di lingkungan tropis. Kultivar ini berpotensi secara agronomis, tetapi informasi genetiknya belum pernah dikaji. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi 11 gen *ndh* (*ndhA*–*ndhK*) pada *Fragaria* × *ananassa* (Weston) Duchesne ‘Mencir’ berdasarkan *complete chloroplast genome* menggunakan platform sekuensing Oxford Nanopore Technologies. Karakterisasi gen dilakukan melalui analisis struktur gen, identifikasi *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), analisis rasio Ka/Ks, prediksi struktur 3D protein dan *Root Mean Square Deviation* (RMSD), serta analisis *Relative Synonymous Codon Usage* (RSCU). Hasil penelitian menunjukkan bahwa kesebelas gen *ndh* pada stroberi ‘Mencir’ memiliki organisasi gen yang seragam dibandingkan dengan gen-gen pembanding. Gen *ndhA* dan *ndhB* memiliki struktur intron, sedangkan gen lainnya hanya memiliki ekson. Analisis SNP mengidentifikasi 50 SNPs pada CDS *ndh*, terdiri atas 20 non-sinonim dan 30 sinonim, dengan mayoritasnya pada *ndhF*. Gen *ndh* memiliki nilai Ka/Ks < 1 yang menunjukkan tekanan seleksi purifikasi dan konservasi sekuens. Konservasi juga terlihat pada pola motif asam amino dan kemiripan konformasi protein antargen pada kultivar berbeda. Gen *ndh* memiliki kecenderungan penggunaan kodon yang diakhiri dengan basa A/T (RSCU > 1) yang serupa dengan komposisi nukleotida genom kloroplas. Secara keseluruhan, penelitian ini memberikan informasi komprehensif terkait karakteristik struktur gen, variasi SNPs, tekanan seleksi, motif terkonservasi, struktur 3D protein, serta bias penggunaan kodon gen *ndh* pada stroberi ‘Mencir’. Data yang dihasilkan dapat menjadi dasar informasi molekuler untuk studi genetik lanjutan pada tanaman stroberi.

KATA KUNCI: ‘Mencir’, *Fragaria*, genom, kloroplas, *ndh*

**CHARACTERIZATION OF THE *ndh* GENES ENCODING NADH
DEHYDROGENASE-LIKE COMPLEX IN STRAWBERRY (*Fragaria* × *ananassa*
(Weston) Duchesne ‘Mencir’) BASED ON COMPLETE CHLOROPLAST
GENOME**

Tan Rendy
22/493022/BI/10937

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

ABSTRACT

Strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) is an introduced horticultural crop that has developed rapidly in Indonesia. One adaptive local cultivar is ‘Mencir’, which produces large fruits, indicates disease tolerance, and can grow well under tropical conditions. This cultivar has promising agronomic potential, however, its genetic information has not been investigated. This study aimed to characterize the 11 *ndh* genes (*ndhA*–*ndhK*) in *Fragaria* × *ananassa* (Weston) Duchesne ‘Mencir’ based on the complete chloroplast genome using the Oxford Nanopore Technologies platform. Gene characterization included gene structure analysis, Single Nucleotide Polymorphism (SNP) identification, Ka/Ks ratio analysis, 3D protein structure prediction and Root Mean Square Deviation (RMSD) assessment, as well as Relative Synonymous Codon Usage (RSCU) analysis. The result showed that all eleven *ndh* genes in ‘Mencir’ exhibited uniform gene organization compared to reference sequences. The *ndhA* and *ndhB* contained introns, while the other genes only consisted of exons. SNP analysis identified 50 SNPs within the *ndh* CDS, comprising 20 non-synonymous and 30 synonymous, predominantly in *ndhF*. The *ndh* genes exhibited Ka/Ks values < 1, indicating strong purifying selection and sequence conservation. Conservation was also observed in amino acid motif patterns and protein conformation similarities among cultivars. The *ndh* genes showed preference towards A/T-ending codons (RSCU > 1), consistent with the nucleotide composition of the chloroplast genome. Overall, this study provides comprehensive information regarding gene structure, SNPs variation, selection pressure, conserved motifs, protein 3D structures, and codon bias usage in the *ndh* genes of ‘Mencir’ strawberry, serving as a molecular foundation for genetic studies in strawberry.

KEY WORDS: ‘Mencir’, chloroplast, *Fragaria*, genome, *ndh*