ANALISIS HOMOLOGI GEN ERECTA DAN ANATOMI ANGGREK Arachnis flos-aeris (L.) Rchb.f. BALI UNTUK
PENGEMBANGAN ANGGREK MINI
Aditya Latiful Azis, Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ANALISIS HOMOLOGI GEN *ERECTA* DAN ANATOMI ANGGREK *Arachnis flos-aeris* (L.) Rchb. f. BALI UNTUK PENGEMBANGAN ANGGREK MINI

Aditya Latiful Azis

(22/497016/BI/11008)

Dosen Pembimbing: Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc.

INTISARI

Arachnis flos-aeris (L.) Rchb. f. merupakan anggrek monopodial yang tersebar di kawasan Asia Tenggara dengan nilai estetika tinggi sebagai tanaman hias. Namun, habitus batangnya yang relatif panjang menjadi kendala dalam pemanfaatannya sebagai tanaman hias dalam ruangan. Penelitian ini bertujuan mengkarakterisasi pertumbuhan tinggi tanaman *A. flos-aeris* pada kondisi normal, menganalisis ukuran sel parenkim pada organ akar, batang, dan daun, serta mengkaji karakteristik homologi dan motif protein ERECTA untuk menentukan sekuens *protospacer* sebagai target perancangan sgRNA dalam sistem pengeditan genom CRISPR-Cas9. Metode yang digunakan meliputi pengamatan pertumbuhan dan anatomi tanaman, isolasi dan amplifikasi DNA genom melalui PCR, elektroforesis, serta analisis bioinformatik yang mencakup pencarian motif LRR, penyelarasan sekuens (*alignment*), dan analisis filogenetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa tinggi tanaman *A. flos-aeris* selama enam bulan pada kondisi normal meningkat rata-rata 2,35 cm dengan pertumbuhan internodus terbesar pada bagian ujung (0,77 cm) dan terkecil pada bagian pangkal (0,53 cm). Analisis anatomi menunjukkan bahwa sel parenkim batang memiliki ukuran rata-rata terbesar (317,25 ± 40,24 µm), diikuti parenkim akar (162,12 ± 17,21 µm) dan parenkim daun (96,46 ± 7,15 µm). Analisis motif protein menunjukkan bahwa daerah LRR pada gen homolog *ERECTA A. flos-aeris* mengandung sekuens NARGNKLNGTIPRSFKNL dengan motif konservatif yang diidentifikasi yaitu GNKL dan GTIP. Berdasarkan hasil analisis tersebut, sekuens *protospacer* AATGCACGAGGTAACAAGTT diusulkan sebagai kandidat target dalam perancangan sgRNA untuk pengeditan genom berbasis CRISPR-Cas9.

Kata kunci: *A. flos-aeris*, anggrek mini, CRISPR-Cas9, *ERECTA*, LRR, sgRNA

ANALISIS HOMOLOGI GEN ERECTA DAN ANATOMI ANGGREK Arachnis flos-aeris (L.) Rchb.f. BALI UNTUK
PENGEMBANGAN ANGGREK MINI
Aditya Latiful Azis, Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

HOMOLOGY ANALYSIS OF THE *ERECTA* GENE AND ANATOMY OF THE BALI *Arachnis flos-aeris* (L.) Rchb.f. ORCHID FOR MINI ORCHID DEVELOPMENT

Aditya Latiful Azis

(22/497016/BI/11008)

Supervisor: Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc.

ABSTRACT

Arachnis flos-aeris (L.) Rchb. f. is a monopodial orchid distributed across Southeast Asia and is highly valued as an ornamental plant due to its aesthetic appeal. However, its relatively long stem habit limits its use as an indoor ornamental plant. This study aimed to characterize the height growth of *A. flos-aeris* under normal growth conditions, analyze the size of parenchyma cells in the root, stem, and leaf, and investigate the homology and protein motif characteristics of ERECTA to identify a protospacer sequence as a target for sgRNA design in a CRISPR-Cas9 genome-editing system. The methods included plant growth and anatomical observations, genomic DNA isolation and PCR amplification, electrophoresis, and bioinformatic analyses comprising LRR motif searching, sequence alignment, and phylogenetic analysis. The results showed that the plant height of *A. flos-aeris* increased by an average of 2.35 cm over six months under normal conditions, with the greatest internode growth observed at the distal region (0.77 cm) and the smallest at the basal region (0.53 cm). Anatomical analysis revealed that stem parenchyma cells had the largest mean size (317.25 ± 40.24 µm), followed by root parenchyma cells (162.12 ± 17.21 µm) and leaf parenchyma cells (96.46 ± 7.15 µm). Protein motif analysis showed that the LRR region of the *ERECTA* homolog in *A. flos-aeris* contained the sequence NARGNKLNGTIPRSFKNL, with the conserved motifs GNKL and GTIP identified. Based on these findings, the protospacer sequence AATGCACGAGGTAACAAGTT was proposed as a candidate target for sgRNA design in CRISPR-Cas9-based genome editing.

Keywords: *A. flos-aeris*, CRISPR-Cas9, ERECTA, LRR, mini orchid, sgRNA