Karakterisasi Genetik Bawang Putih (Allium sativum L. â€˜Lumbu Putih Handayaniâ€™) Berdasarkan Gen
Target Pengkode Alisin
Prima Sekti Kusnanda, Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

Karakterisasi Genetik Bawang Putih (*Allium sativum* L. 'Lumbu Putih Handayani') Berdasarkan Gen Target Pengkode Alisin

Prima Sekti Kusnanda
(24/547822/PBI/02051)

INTISARI

Bawang putih (*Allium sativum* L.) merupakan salah satu komoditas hortikultura penting di Indonesia. Tanaman ini mengandung senyawa bioaktif *allicin* yang memiliki berbagai manfaat farmakologis. Kultivar lokal 'Lumbu Putih Handayani' dari Gunungkidul memiliki potensi unggul untuk dikembangkan, namun informasi genetiknya terbatas. Untuk memperoleh informasi genetik secara komprehensif dilakukan *whole genome sequencing* (WGS) menggunakan Oxford Nanopore Technologies yang memerlukan DNA genom berkualitas tinggi dengan fragmen *long reads*. Penelitian ini bertujuan mengevaluasi kualitas DNA genom hasil isolasi menggunakan Maxwell® RSC Plant DNA Kit dan Wizard® HMW DNA Extraction Kit, melakukan *targeted assembly*, serta menganotasi gen jalur biosintesis *allicin*. Metode yang digunakan yaitu koleksi sampel, isolasi DNA genom menggunakan Maxwell® RSC Plant DNA Kit dan Wizard® HMW DNA Extraction Kit, uji kualitas DNA menggunakan NanoDrop UV-Vis, Qubit 4 Fluorometer, dan Agilent TapeStation, WGS, *targeted assembly* menggunakan Flye, dan anotasi homologi menggunakan BLASTn. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Maxwell® RSC Plant DNA Kit dan Wizard® HMW DNA Extraction Kit belum menghasilkan DNA genom sesuai standar, sehingga perlu *adjusting* pada reagen ekstraksi. *Targeted assembly* menghasilkan 124.768 *disjointig* (N50 12.628 bp) pada seleksi *read* 5 kb dan 13.147 *disjointig* (N50 13.447 bp) pada seleksi *read* 10 kb. Anotasi homologi mengidentifikasi gen *AsALLN*, *AsGGT1*, *AsGGT2*, *AsGGT3*, *AsGCS2*, *AsGCS3*, dan *AsPCS1* pada seleksi 5 kb, sedangkan gen *AsALLN*, *AsGCS2*, dan *AsPCS1* pada seleksi 10 kb. Analisis *alignment* menggunakan MEGA12 menunjukkan empat SNP pada gen *alliinase* yang perlu divalidasi lebih lanjut menggunakan Sanger *sequencing*.

Kata Kunci: *allicin*, bawang putih, Lumbu Putih Handayani, SNP, *targeted assembly*.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Karakterisasi Genetik Bawang Putih (Allium sativum L. â€˜Lumbu Putih Handayaniâ€™) Berdasarkan Gen
Target Pengkode Alisin**
Prima Sekti Kusnanda, Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

Genetic Characterization of Garlic (*Allium sativum* L. 'Lumbu Putih Handayani') Based on the Target Gene Encoding Allicin

Prima Sekti Kusnanda
(24/547822/PBI/02051)

ABSTRACT

Garlic (*Allium sativum* L.) is an important horticultural commodity in Indonesia. This plant contains the bioactive compound allicin with various pharmacological benefits. The local cultivar 'Lumbu Putih Handayani' from Gunungkidul has superior potential for development, but genetic information is limited. To obtain comprehensive genetic information, whole genome sequencing (WGS) using Oxford Nanopore Technologies requires high-quality genomic DNA with long-read fragments. This study aims to evaluate the quality of genomic DNA isolated using the Maxwell® RSC Plant DNA Kit and the Wizard® HMW DNA Extraction Kit, conduct targeted assembly, and annotate allicin biosynthesis pathway genes. The methods used were sample collection, genomic DNA isolation using the Maxwell® RSC Plant DNA Kit and the Wizard® HMW DNA Extraction Kit, DNA quality testing using NanoDrop UV-Vis, Qubit 4 Fluorometer, and Agilent TapeStation, WGS, targeted assembly using Flye, and homology annotation using BLASTn. The results showed that the Maxwell® RSC Plant DNA Kit and Wizard® HMW DNA Extraction Kit had not produced good genomic DNA according to standards, so it was necessary to adjust the extraction reagents. Targeted assembly produced 124,768 disjointig (N50 12,628 bp) in the 5 kb read selection and 13,147 disjointig (N50 13,447 bp) in the 10 kb read selection. Homology annotation identified the *AsALLN, AsGGT1, AsGGT2, AsGGT3, AsGCS2, AsGCS3,* and *AsPCS1* genes in the 5 kb selection, while the *AsALLN, AsGCS2,* and *AsPCS1* genes in the 10 kb selection. Alignment analysis using MEGA12 showed four SNPs in the *alliinase* gene that needed further validation using Sanger sequencing.

Keywords: allicin, Lumbu Putih Handayani, garlic, SNP, targeted assembly