**CONTOH ABSTRAK**

**Karakterisasi Gen Terkait Metabolisme Gula pada Beberapa Buah Lokal Indonesia**

*(Characterization of Sugar Metabolism Related Gene in Some Indonesian Local Fruits*)

**Deden Derajat Matra\*1), Shandra Amarilis1) Roedhy Poerwanto1)**

1)Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor \*dedenmatra@apps.ipb.ac.id

**ABSTRAK**

Dengan berkembangnya teknologi transkriptomik dapat mempercepat pengetahuan dasar untuk mempelajari ekspresi gen terhadap pertumbuhan dan perkembangan buah lokal Indonesia yang masih terbatas. Oleh karena itu, diperlukan penelitian dasar yang komprehensif untuk mengidentifikasi enam gen terkait dengan metabolisme gula yaitu Sucrose-phosphate synthase (SPS), Sucrose-phosphatase (SPP), Sucrose synthase (SUS), Alkaline/neutral invertase (INV), Cytosolic invertase (CINV), dan Beta-fructofuranosidase (CWINV). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui beberapa gen yang terkait dengan jalur metabolisme gula dengan pendekatan transkriptomik pada 8 spesies buah lokal yaitu Nangkadak (*Artocarpus nangkadak*), Salak (*Salacca sumatrana*), Lobi-lobi (*Flacourtia inermis*), Duku (*Lansium domesticum*), Matoa (*Pometia pinnata*), Jambu Air (*Syzygium samarangense*), Rambai (*Baccaurea motleyana*) dan Rambutan (*Nephelium lappaceum*). Gen terkait dengan metabolisme gula dianalisis dengan analisis bioinformatika dari RujakBase (rujakbase.id). Seluruh contig dari setiap spesies dianotasikan ke database gen pada setiap gen yang diperoleh dari database SwissProt dengan menggunakan Program BLAST+. Hasil analisis anotasi pada database memperoleh : 48 contig dari nangkadak, 40 contig dari Rambai, 121 contig dari Lobi-lobi, 83 contig dari Duku, 46 contig dari Rambutan, 43 contig dari Matoa, 81 contig dari Salak Sidempuan, dan 117 contig dari Jambu air. Kemudian, analisis dilanjutkan dengan membuat pohon filogeni menggunakan program MEGA dengan algortime NJ. Untuk analisis ekspresi gen, masing-masing primer dari kandidat gen dibuat dengan Primer3 untuk analisis menggunakan realtime PCR.

Kata kunci : Fruktosa, Glukosa, Sukrosa, Transcriptomik.

ABSTRACT

The development of transcriptomic technology can accelerate basic knowledge to study gene expression on the growth and development of Indonesian local fruit, which is still limited. Therefore, comprehensive basic research is needed to identify six genes related to sugar metabolism, namely Sucrose-phosphate synthase (SPS), Sucrose-phosphatase (SPP), Sucrose synthase (SUS), Alkaline / neutral invertase (INV), Cytosolic invertase (SPS) CINV), and Beta-fructofuranosidase (CWINV). This research aims to obtain some genes associated with sugar metabolic pathways with transcriptomic approaches on 8 local fruit species, namely Nangkadak (Artocarpus nangkadak), Salak (Salacca sumatrana), Lobi-lobi (Flacourtia inermis), Duku (Lansium domesticum), Matoa (Pometia pinnata), Jambu Air (Syzygium samarangense), Rambai (Baccaurea motleyana) dan Rambutan (Nephelium lappaceum). Genes related to sugar metabolism were analyzed by bioinformatics analysis from RujakBase (rujakbase.id). All contig of each species is annotated to the gene database on each gene obtained from the SwissProt database using the BLAST+ Program. Annotation analysis results in the database obtained: 48 contig from Nangkadak, 40 contig from Rambai, 121 contig from lob-lobi, 83 contig from Duku, 46 contig from Rambutan, 43 contig from Matoa, 81 contig from Salak Sidempuan, and 117 contig from Wax Apple. Then, a phylogeny tree was constructed by using the MEGA program with the NJ algorithm. For the analysis of gene expression, each primer from the candidate gene was made with Primer3 for analysis using realtime PCR.

keywords : Fructose, Glucose, Sucrose, Transcriptomic