

Analisis tingkat ekspresi gen identitas bunga (sepallata) pada epicalyx hibiscus rosa-sinensis l. = Analysis of expression level of floral-identity gene (sepallata) in epicalyx of hibiscus rosa-sinensis l.

Yudisthira Oktaviandie, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20485855&lokasi=lokal>

Abstrak

Penelitian mengenai tingkat ekspresi gen identitas bunga (SEPALLATA) dilakukan pada tiga bagian Hibiscus rosa-sinensis l., yaitu daun, epicalyx, dan kelopak bunga. Penelitian bertujuan untuk mengetahui ekspresi gen SEPALLATA pada epicalyx. Analisis tingkat ekspresi dilakukan secara kualitatif dengan metode two-steps RT-PCR dan divisualisasikan menggunakan elektroforesis agarosa. Metode modified-CTAB digunakan untuk isolasi RNA H. rosa-sinensis dan dilanjutkan dengan pemberian perlakuan DNase untuk menghilangkan gDNA yang masih tersisa. Selanjutnya, RNA diubah menjadi cDNA dengan metode Reverse Transcription dan diamplifikasi dengan metode PCR menggunakan primer spesifik. Hasil penelitian menunjukkan adanya hasil amplifikasi SEPALLATA pada epicalyx menggunakan primer GH7SEP1, namun tidak pada epicalyx menggunakan primer GH1SEP1. Konfirmasi menggunakan primer GH7SEP1 forward dan GH1SEP1 reverse tidak menunjukkan adanya hasil amplifikasi. Hasil sekuensing menunjukkan bahwa hasil amplifikasi yang didapatkan menggunakan baik primer GH1SEP1 maupun GH7SEP1 diduga kuat teramplifikasi dari gen SEPALLATA.

.....Research on floral-identity gene (SEPALLATA) expression level has been done in three parts of Hibiscus rosa-sinensis; they are leaves, epicalyx and calyx. This research was conducted to observe expression of the SEPALLATA gene in epicalyx. The expression level analysis was done qualitatively by the two-steps RT-PCR and visualized using agarose electrophoresis. Hibiscus rosa-sinensis RNA was isolated using the modified-CTAB method and continued by DNase-treatment to eliminate gDNA in mixture. Furthermore, RNA was used to make cDNA using the Reverse Transcription method and amplified using the PCR method by specific primers. The result showed the presence of SEPALLATA amplification in epicalyx using GH7SEP1 primer, yet not on epicalyx using GHSE1 primer. Confirmation using GH7SEP1 forward primer and GH1SEP1 reverse primer did not show any amplification. Sequencing and alignment results suggested that amplifications using GH1SEP1 or GH7SEP1 were allegedly, of which amplified from SEPALLATA gene.