



KARAKTERISASI *ASPERGILLUS FLAVUS* NON-AFLATOKSIGENIK PADA ONCOM DENGAN METODE *WHOLE GENOME SEQUENCING*

CAESA ANINDITA



PROGRAM STUDI TEKNOLOGI PANGAN
FAKULTAS TEKNIK DAN TEKNOLOGI
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026



PERNYATAAN MENGENAI SKRIPSI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “Karakterisasi *Aspergillus flavus* Non-Aflatoksigenik pada Oncom dengan Metode *Whole Genome Sequencing*” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir skripsi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Juni 2026

Caesa Anindita
F2401221058

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



ABSTRAK

CAESA ANINDITA Karakterisasi *Aspergillus flavus* Non-Aflatoksigenik pada Oncom dengan Metode *Whole Genome Sequencing*. Dibimbing oleh SITI NURJANAH dan INAS SUCI RAHMAWATI

Oncom merupakan pangan fermentasi tradisional yang berpotensi terkontaminasi kapang toksigenik penghasil aflatoksin akibat proses produksi yang masih dilakukan secara terbuka. Penelitian ini bertujuan mengkarakterisasi *Aspergillus flavus* non-aflatoksigenik pada oncom merah dan oncom hitam melalui pendekatan *Whole Genome Sequencing* (WGS). Sampel dikumpulkan dari tiga produsen di Bogor Barat, kemudian dilakukan isolasi pada media DRBC dan SDA, diikuti identifikasi morfologi makroskopis dan mikroskopis. Uji potensi aflatoksin dilakukan menggunakan *Coconut Agar Medium* (CAM) dan dikonfirmasi dengan *High Performance Liquid Chromatography* (HPLC), sementara analisis genom dilakukan melalui WGS untuk identifikasi spesies dan karakteristik genetik. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman kapang, yaitu *Aspergillus* sp., *Neurospora* sp., dan *Rhizopus* sp. Uji CAM menunjukkan adanya fluoresensi pada beberapa isolat yang mengindikasikan potensi aflatoksigenik, namun hasil HPLC menunjukkan kadar aflatoksin total berada di bawah batas deteksi ($<2,00 \mu\text{g/kg}$). Analisis WGS mengidentifikasi isolat sebagai *Aspergillus flavus* dengan kualitas data tinggi dan cakupan genom yang luas. Analisis genom menunjukkan keberadaan beberapa gen yang terkait dengan biosintesis aflatoksin, yaitu *aflR*, *aflS*, *aflD*, *aflM*, *aflO*, *aflP*, dan *aflQ*, serta variasi genetik yang didominasi oleh *upstream gene variant*, *synonymous variant*, dan *missense variant*. Analisis *antiSMASH* juga mengidentifikasi keberadaan *Biosynthetic Gene Cluster* (BGC) tipe T1PKS yang berpotensi menghasilkan metabolit sekunder berbasis poliketida. Meskipun demikian, isolat tetap dikategorikan sebagai non-aflatoksigenik yang diduga berkaitan dengan variasi genetik dan tidak lengkapnya jalur biosintesis aflatoksin.

Kata kunci: *Aspergillus flavus*, aflatoksin, oncom merah, oncom hitam, *Whole Genome Sequencing*.



ABSTRACT

CAESA ANINDITA. *Characterization of Non-Aflatoxigenic Aspergillus flavus in Oncom Using Whole Genome Sequencing Method*. Supervised by SITI NURJANAH and INAS SUCI RAHMAWATI.

Oncom is a traditional fermented food that is susceptible to contamination by toxigenic molds capable of producing aflatoxins due to its open production process. This study aimed to characterize non-aflatoxigenic *Aspergillus flavus* in red and black oncom using a *Whole Genome Sequencing* (WGS) approach. Samples were collected from three producers in West Bogor, followed by isolation on DRBC and SDA media and morphological identification through macroscopic and microscopic observations. Aflatoxin potential was screened using *Coconut Agar Medium* (CAM) and confirmed by *High Performance Liquid Chromatography* (HPLC), while genomic analysis was performed using WGS for species identification and genetic characterization. The results revealed the presence of diverse molds, including *Aspergillus* sp., *Neurospora* sp., and *Rhizopus* sp. CAM analysis showed fluorescence in several isolates, indicating potential aflatoxigenic properties; however, HPLC analysis demonstrated that total aflatoxin levels were below the detection limit ($<2.00 \mu\text{g/kg}$). WGS identified the isolate as *Aspergillus flavus* with high sequencing quality and broad genome coverage. Genomic analysis revealed the presence of several genes associated with aflatoxin biosynthesis, including *aflR*, *aflS*, *aflD*, *aflM*, *aflO*, *aflP*, and *aflQ*, as well as genetic variations predominantly consisting of *upstream gene variants*, *synonymous variants*, and *missense variants*. *antiSMASH* analysis also identified the presence of Type I Polyketide Synthase (*T1PKS*) *Biosynthetic Gene Clusters* (BGC) with the potential to produce polyketide-based secondary metabolites. Nevertheless, the isolate was classified as non-aflatoxigenic, which is likely associated with genetic variations and an incomplete aflatoxin biosynthetic pathway.

Keywords: *Aspergillus flavus*, aflatoxin, red oncom, black oncom, Whole Genome Sequencing.

@Hak cipta milik IPB University



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

KARAKTERISASI *ASPERGILLUS FLAVUS* NON-AFLATOKSIGENIK PADA ONCOM DENGAN METODE *WHOLE GENOME SEQUENCING*

CAESA ANINDITA

Skripsi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Sarjana pada
Program Studi Teknologi Pangan

**PROGRAM STUDI TEKNOLOGI PANGAN
FAKULTAS TEKNIK DAN TEKNOLOGI
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**

Judul Proposal: Karakterisasi *Aspergillus flavus* Non-Aflatoksigenik pada Oncom dengan Metode *Whole Genome Sequencing*

Nama : Caesa Anindita

NIM : F2401221058

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

Dr. Siti Nurjanah, S.T.P., M.Si.

NIP 197601312005012001



Pembimbing 2:

Dr. Inas Suci Rahmawati, S.T.P., M.Si.

NIP 199403092024062001



Diketahui oleh

Ketua Program Studi:

Dr. Ing. Dase Hunaefi, S.T.P., M.FoodST.

NIP 197604121999031004



Tanggal Ujian:
3 Juni 2026

Tanggal Lulus:



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan September 2025 sampai Juni 2026, dengan judul “Karakterisasi *Aspergillus flavus* Non-Aflatoksigenik pada Oncom dengan Metode *Whole Genome Sequencing*”.

Terima kasih penulis ucapkan kepada

1. Segenap keluarga, Ayah Suparman, Ibu Anita Triana, Kakak Zahra Athiyya, Adik Nachita Aulia, Nenek Neneng Kusmiati, yang telah menjadi rumah ternyaman bagi penulis untuk berkeluh kesah, senantiasa memberikan dukungan moral dan moril, serta menjadi alasan dan semangat utama penulis dalam menyelesaikan perkuliahan.
2. Ibu Dr. Siti Nurjanah, S.T.P., M.Si., dan Ibu Dr. Inas Suci Rahmawati, S.T.P., M.Si., selaku dosen pembimbing yang senantiasa memberikan bimbingan, arahan, serta masukan dengan penuh kesabaran dan ketulusan selama proses penulisan skripsi ini.
3. Ibu Prof. Dr. Ir. Harsi Dewantari Kusumaningrum yang telah bersedia menjadi dosen penguji pada ujian sidang skripsi penulis.
4. Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi Republik Indonesia atas pemberian hibah untuk skema Penelitian Fundamental Reguler (PFR) tahun 2025 dengan judul “Analisis Mikrobiota dan Gen Fungsional dari Pangan Fermentasi Tradisional dengan *Next Generation Sequencing* untuk Standarisasi Proses dan Jaminan Keamanan Pangan” atas nama Dr. Siti Nurjanah sebagai ketua peneliti.
5. Mba Riska dan Kak Tiara, selaku teknisi laboratorium riset mikrobiologi pangan yang telah mendampingi dan senantiasa sabar dalam mengarahkan penulis untuk melakukan penelitian.
6. Nashwa, Sausan, dan Kak Nuril, selaku sahabat yang selalu menjadi “*One Call Away*” dalam setiap fase kehidupan perkuliahan penulis.
7. Opang dan Dhava, selaku sahabat “*Ce O De*”, yang penulis anggap seperti keluarga sendiri dan selalu memberikan tawa serta kebahagiaan kepada penulis dalam menjalani masa perkuliahan.
8. Sofia, Salma, Zahra, dan Sinthia, selaku sahabat “*Kost Edelweiss*” yang telah menemani penulis dalam suka dan duka sejak awal masa MPKMB hingga akhir perkuliahan.
9. Nisa, Naava, Adel, dan Najwa selaku teman-teman seperjuangan penelitian yang senantiasa menemani, mendukung, dan menghibur penulis selama menjalani masa penelitian.
10. Teman-teman Departemen Kesejahteraan Mahasiswa BEM FATETA IPB 2025 yang selalu memberikan kebahagiaan ditengah-tengah penat penulis dalam menjalani perkuliahan semester 6 dan 7.
11. Teman-teman ITP angkatan 59 “*Eternal*” yang telah kebersamaan penulis dan memberikan semangat dalam menjalani kehidupan di Departemen Ilmu dan Teknologi Pangan.



12. Terakhir, apresiasi sebesar-besarnya kepada diri sendiri yang telah berjuang untuk menyelesaikan apa yang telah dimulai. Untuk setiap malam yang dihabiskan dalam kelelahan, setiap pagi yang disambut dengan keraguan, dan setiap ketakutan yang berhasil dilawan dengan keberanian. Terima kasih telah bertahan dengan keikhlasan hingga saat ini dan mari terus berkembang untuk menjadi pribadi yang lebih baik.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juni 2026

Caesa Anindita



DAFTAR ISI

ABSTRAK	iii
ABSTRACT	iv
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xi
I PENDAHULUAN	2
1.1 Latar Belakang	2
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
1.5 Ruang Lingkup	4
II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Oncom	5
2.1.1 Proses Pembuatan Oncom	6
2.2 Kapang pada Oncom	7
2.3 Isolasi Kapang secara Konvensional	8
2.4 Aflatoksin	8
2.4.1 Metode deteksi aflatoksin	9
2.5 <i>Whole Genome Sequencing</i>	9
III METODE PENELITIAN	11
3.1 Waktu dan Tempat	11
3.2 Alat dan Bahan	11
3.3 Metode Penelitian	11
3.3.1 Tahapan Penelitian	11
3.3.2 Pengambilan Sampel Oncom	12
3.3.3 Eksplorasi Kapang	12
3.3.4 Isolasi Kapang Toksigenik	13
3.3.5 Identifikasi Kapang secara Makroskopis dan Mikroskopis	13
3.3.6 Deteksi Aflatoksin	13
3.3.7 Identifikasi Kapang dengan <i>Whole Genome Sequencing</i> (WGS)	14
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	16
4.1 Isolasi Kapang pada Oncom secara Konvensional	16
4.2 Karakteristik Morfologi Makroskopis dan Mikroskopis Kapang	19
4.3 Hasil Uji Potensi Toksigenik Kapang Menggunakan CAM.	23
4.4 Analisis Aflatoksin menggunakan <i>High Performance Liquid Chromatography</i> (HPLC)	25
4.5 Hasil <i>Whole Genome Sequencing</i>	26
4.5.1 Kualitas DNA Hasil Ekstraksi	26
4.5.2 Kualitas Data Sekuensing	27
4.5.3 Hasil Pemetaan terhadap Genom Referensi	28
4.5.4 Distribusi Variasi Genetik	29
4.5.5 Distribusi Tipe Varian	30



4.6	Biosintesis Aflatoksin	32
4.6.1	Jalur Sintesis Aflatoksin	32
4.6.2	Deteksi Gen Pembentuk Aflatoksin	33
4.6.3	Karakterisasi Kluster Poliketida	36
4.6.4	Faktor Virulensi <i>Aspergillus flavus</i>	38
V	KESIMPULAN DAN SARAN	40
5.1	Kesimpulan	40
5.2	Saran	40
	DAFTAR PUSTAKA	41
	RIWAYAT HIDUP	47

DAFTAR TABEL

1	Tabel 1 Hasil Isolasi kapang pada oncom merah dalam media DRBC dan SDA	16
2	Tabel 2 Hasil Isolasi kapang pada oncom hitam dalam media DRBC dan SDA	17
3	Tabel 3 Hasil morfologi makroskopis dan mikroskopis kapang pada oncom merah	19
4	Tabel 4 Hasil morfologi makroskopis dan mikroskopis kapang pada oncom hitam	21
5	Tabel 5 Hasil uji potensi kapang menggunakan CAM	23
6	Tabel 6 Hasil analisis Aflatoksin menggunakan HPLC	25
7	Tabel 8 Kualitas data awal sekuensing	27
8	Tabel 9 Kualitas data hasil <i>trimming</i> sekuensing	27
9	Tabel 10 Hasil pemetaan terhadap genom referensi	28
10	Tabel 11 Distribusi variasi genetik	29
11	Tabel 12 Hasil identifikasi gen-gen kluster aflatoksin	34
12	Tabel 13 Karakterisasi kluster poliketida	36

DAFTAR GAMBAR

1	Gambar 1 Oncom; (a) oncom merah dan (b) oncom hitam (Wijaya <i>et al.</i> 2024)	5
2	Gambar 2 Proses pembuatan oncom merah dan oncom hitam (dimodifikasi dari Firoh <i>et al.</i> 2024)	6
3	Gambar 3 Koloni makroskopis dan mikroskopis; (a) <i>Aspergillus</i> sp. dan (b) <i>Penicillium</i> sp. (Elgarhi <i>et al.</i> 2020)	8
4	Gambar 4 Tahapan penelitian	12
5	Gambar 5 Krona anotasi variasi genetik	30
6	Gambar 6 Jalur biosintesis aflatoksin (Liao <i>et al.</i> 2020)	32