

EKSPLORASI GEN FUNGSIONAL MIKROBIOMA KOMPOS PRODUKSI RUMAH KOMPOS IPB UNIVERSITY SECARA METAGENOMIK

SYAHIDA ZULFA RAIHANI



**DEPARTEMEN BIOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



- 

PERNYATAAN MENGENAI SKRIPSI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobioma Kompos Produksi Rumah Kompos IPB University secara Metagenomik” adalah karya saya berdasarkan 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

Syahida Zulfa Raihani
G8401221113



@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.

ABSTRAK

SYAHIDA ZULFA RAIHANI. Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobioma Kompos Produksi Rumah Kompos IPB University secara Metagenomik. Dibimbing oleh RAHADIAN PRATAMA dan I MADE ARTIKA.

Timbunan sampah organik Rumah Kompos IPB University menyimpan gen-gen fungsional yang penting bagi pengembangan biokonversi lignoselulosa, namun belum pernah dikaji. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi struktur komunitas mikrobioma dan gen fungsional sampel kompos menggunakan teknik *whole metagenome sequencing*. Tahapan meliputi *sampling* dari empat titik, ekstraksi DNA, *quality control*, sekuensing, dan analisis bioinformatika. Terdapat pola suksesi komunitas dari filum *Actinobacteria* pada fase bahan mentah ke *Proteobacteria* dan *Firmicutes* pada fase pengomposan dan pematangan. Rekonstruksi dua genom MAG KMP.6 lebih unggul dalam potensi hidrolisis polisakarida melalui tingginya *Glycoside Hydrolases* dan *Carbohydrate-Binding Modules*, sedangkan MAG KMP.23 terspesialisasi pada degradasi polimer asam uronat melalui *Polysaccharide Lyases* serta biosintesis seluler melalui *Glycosyl Transferases*. Identifikasi spesies mengungkap kekerabatan KMP.23 dengan *Ohtaekwangia koreensis* DSM 25262 yang diisolasi dari pantai Korea Selatan, sedangkan KMP.6 dengan *strain* termofilik *Paraflavitalea speifideaquila* BL16E dari gua lava Hawaii.

Kata kunci: mikrobioma, pengomposan, metagenomik, suksesi komunitas

ABSTRACT

SYAHIDA ZULFA RAIHANI. Metagenomic Exploration of Functional Genes in the Compost Microbiome Produced by the IPB University Compost House. Supervised by RAHADIAN PRATAMA and I MADE ARTIKA.

The organic waste at IPB University's Rumah Kompos harbors unstudied functional genes relevant to lignocellulose bioconversion. Whole metagenome sequencing of four compost samples, DNA extraction, quality control, sequencing, and bioinformatics analysis identified a microbial succession from *Actinobacteria* in the raw material phase to *Proteobacteria* and *Firmicutes* during maturation. Reconstruction of two MAGs revealed distinct functional profiles: KMP.6 demonstrated superior polysaccharide hydrolysis potential via *Glycoside Hydrolases* and *Carbohydrate-Binding Modules*, while KMP.23 specialized in uronate polymer degradation via *Polysaccharide Lyases* and cellular biosynthesis via *Glycosyl Transferases*. Species identification linked KMP.23 to *Ohtaekwangia koreensis* DSM 25262 isolated from a South Korean beach, and KMP.6 to the thermophilic strain *Paraflavitalea speifideaquila* BL16E from a Hawaiian lava cave.

Keywords: microbiome, composting, metagenomics, community succession



@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.

EKSPLORASI GEN FUNGSIONAL MIKROBIOMA KOMPOS PRODUKSI RUMAH KOMPOS IPB UNIVERSITY SECARA METAGENOMIK

SYAHIDA ZULFA RAIHANI

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

**DEPARTEMEN BIOKIMIA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@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.

Tim Penguji pada Ujian Skripsi:

1. Prof. Dr. Waras Nurcholis, S.Si., M.Si.
2. Dr. Syaefudin, S.Si., M.Si.

Judul Skripsi : Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobioma Kompos Produksi
Rumah Kompos IPB University secara Metagenomik
Nama : Syahida Zulfa Raihani
NIM : G8401221113

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si.
NIP. 202208198902051001




Pembimbing 2:
Prof. Dr. Ir. I Made Artika, M.App.Sc.
NIP. 196301171989031001

Diketahui oleh



Ketua Departemen Biokimia:
Prof. Dr. Mega Safithri, S.Si., M.Si.
NIP. 197709152005012002






@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.

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia dan rahmat-Nya sehingga karya ilmiah berjudul “Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobioma Kompos Produksi Rumah Kompos IPB University secara Metagenomik” ini berhasil diselesaikan dengan baik. Penelitian ini didukung oleh Dana Hibah Program Penelitian Dosen Muda Tahun Anggaran 2025 untuk Dr. rer. nat. Rahadian Pratama dengan nomor 11599/IT3.D10/PT.01.03/P/B/2025.

Keberhasilan penulis dalam menyelesaikan karya ilmiah ini tidak lepas dari dukungan dan bimbingan berbagai pihak terkait. Untuk itu, penulis menyampaikan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si. selaku pembimbing utama yang senantiasa memberikan bantuan dan bimbingan yang berharga selama proses penelitian dan penulisan skripsi. Selain itu, skripsi ini juga tidak akan hadir tanpa adanya izin untuk turut terlibat dalam kegiatan penelitian metagenomik *biodiversity* IPB Rumah Kompos IPB University.
2. Prof. Dr. Ir. I Made Artika, M.App. Sc. selaku pembimbing kedua yang selalu meluangkan waktunya untuk membimbing dan memberi masukan kepada penulis dalam menyelesaikan skripsi ini.
3. PaninBank dan Yayasan Satriabudi Dharma Setia (YSDS) atas dukungan fasilitas serta pemanfaatan instrumen laboratorium yang diberikan dalam pelaksanaan penelitian ini.
4. Kedua orang tua penulis Abi Syahril dan Umi Ida, serta ketiga adik saya Sarah, Arik, dan Zaki yang senantiasa mencurahkan cinta, doa, serta dukungannya dalam segala aspek tanpa terputus, semoga selalu dalam kasih sayang dan lindungan-Nya.
5. Tim metagenomik APB serta rekan seperjuangan bimbingan metagenomik Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si. termasuk Cheril dan Moureen yang telah mendukung proses penelitian dan penulisan karya ilmiah. Terima kasih juga kepada angkatan Rubisco Biokimia 59.
6. Sahabat dan rekan seperjuangan Biokimia Arina, Naila, Arsanti, Anggun, sahabat penulis Nasywaa dan Rahma, teman-teman alumni *winter program* Kyodai kak Dwi, Laraisa, kak Gilang, kak Ilmi, keluarga tim FIT-*Triple Action* Fauzi, Angel, Ihsan, dan Nadia, saudara serumpun Malaysia dan Singapura, dan seluruh tim server belajar atas segala dukungan penuh sehingga perjalanan menulis karya ilmiah ini terasa lebih bermakna.

Semoga karya ilmiah ini dapat berkontribusi secara substantif terhadap lingkungan dan bermanfaat bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juni 2026

Syahida Zulfa Raihani

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 mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin 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.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
1.5 Ruang Lingkup	3
1.6 Hipotesis	3
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Mikrobioma dalam Sistem Kompos	4
2.2 Rumah Kompos IPB University	5
2.3 Teknik <i>Whole Metagenome Sequencing</i>	6
2.4 Oxford Nanopore Technologies	8
2.5 Analisis Bioinformatika pada Gen Fungsional	9
III METODE	12
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	12
3.2 Alat dan Bahan	12
3.3 Prosedur Kerja	12
3.4 Analisis Bioinformatika	17
IV HASIL	20
4.1 Integritas dan Kualitas DNA	20
4.2 Evaluasi Kualitas Sekuensing	21
4.3 Struktur Komunitas Mikrobioma Kompos	22
4.4 Evaluasi Kualitas <i>Metagenome-Assembled Genomes</i>	24
4.5 Anotasi Gen Fungsional pada Kompos	25
4.6 Identifikasi Spesies <i>Metagenome-Assembled Genomes</i>	29
V PEMBAHASAN	31
5.1 Kualitas dan Integritas DNA	31
5.2 Kualitas Hasil Sekuensing	32
5.3 Struktur Komunitas Mikrobioma Kompos	33
5.4 Kualitas <i>Assembly</i> dan Rekonstruksi MAG	36
5.5 Profil Gen Fungsional Mikrobioma Kompos	37
VI SIMPULAN DAN SARAN	42
6.1 Simpulan	42
6.2 Saran	42
DAFTAR PUSTAKA	43
LAMPIRAN	55
RIWAYAT HIDUP	59



DAFTAR TABEL

1	Lokasi pengambilan sampel	13
2	Komposisi campuran <i>priming flow cell</i>	17
3	Parameter <i>basecalling</i>	18
4	Kriteria kualitas analisis <i>Metagenome-Assembled Genomes</i>	19
5	Konsentrasi dan kemurnian hasil ekstraksi DNA	21
6	Statistik kualitas data mentah sekuensing berdasarkan analisis nanoplots	21
7	Persentase organisme terklasifikasi pada sampel kompos rumah kompos IPB	23
8	Hasil kualitas MAG berdasarkan analisis CheckM2	24
9	Statistik kualitas MAG berdasarkan analisis QUAST	25
10	Identifikasi taksonomi dan spesies genom <i>strain</i> MAG	30

DAFTAR GAMBAR

1	Skema mikroorganisme <i>plant growth-promoting rhizobacteria</i> (PGPR) dan <i>arbuscular mycorrhizal fungi</i> (AMR) untuk meningkatkan kesehatan dan pertumbuhan tanaman melalui mekanisme langsung dan tidak langsung	5
2	Rumah kompos IPB University	6
3	Skema teknologi sekuensing generasi pertama, kedua, dan ketiga	8
4	PromethION 2 Solo	9
5	Alur kerja rekonstruksi genom dari sampel metagenomik	11
6	Alur pengolahan produk kompos	13
7	Hasil elektroforesis sampel hasil ekstraksi	20
8	Grafik hubungan antara panjang bacaan dan kualitas rata-rata sekuensing	22
9	Kurva rarefaksi sampel kompos	23
10	Kelimpahan relatif komunitas bakteri	24
11	Distribusi lima belas jalur COG dengan jumlah gen ortolog terbanyak pada MAG berkualitas tinggi	26
12	Distribusi lima belas jalur KEGG dengan jumlah gen ortolog terbanyak pada MAG berkualitas tinggi	27
13	Distribusi sepuluh jalur KO dengan jumlah gen ortolog terbanyak pada MAG berkualitas tinggi	28
14	Komparasi distribusi relatif kelas CAZy pada MAG berkualitas tinggi	29
15	Pohon filogenetik metode GBDP mengonfirmasi kandidat spesies baru	30

DAFTAR LAMPIRAN

1	Bagan alir penelitian	56
2	Metadata sampel kompos	57
3	Evaluasi kualitas <i>assembly metagenome</i> dengan QUAST	58