

EKSPLORASI GEN SELULOLITIK BERBASIS METAGENOMIK PADA MIKROBIOMA USUS *Macaca fascicularis* DI KAMPUS IPB DRAMAGA

SYDNEY PRAMADINA



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

- 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.



- 



PERNYATAAN MENGENAI SKRIPSI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “Eksplorasi Gen Selulolitik Berbasis Metagenomik pada Mikrobioma Usus *Macaca fascicularis* di Kampus IPB Dramaga” 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, Juli 2026

Sydney Pramadina
G8401221006



- 

ABSTRAK

SYDNEY PRAMADINA. Eksplorasi Gen Selulolitik Berbasis Metagenomik pada Mikrobioma Usus *Macaca fascicularis* di Kampus IPB Dramaga. Dibimbing oleh RAHADIAN PRATAMA dan PUJI RIANTI.

Selulosa merupakan komponen utama dinding sel tumbuhan yang tidak dapat dicerna langsung oleh mamalia, sehingga degradasinya bergantung pada aktivitas enzim selulase yang dihasilkan oleh mikroorganisme usus. Monyet ekor panjang (*Macaca fascicularis*) dengan pola makan tinggi serat merupakan model yang relevan untuk mengkaji komunitas bakteri selulolitik tersebut. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi keragaman dan potensi fungsional bakteri selulolitik pada monyet liar di kawasan IPB menggunakan pendekatan metagenomik berbasis Oxford Nanopore PromethION 2 Solo, dengan analisis bioinformatika melalui UseGalaxy dan RStudio. Sekuensing menghasilkan 1.304.690 dan 2.077.275 bacaan dari dua sampel, serta rekonstruksi 66 *metagenome-assembled genomes* (MAG) dengan 12 MAG berkualitas medium hingga tinggi. Analisis gen fungsional menunjukkan keberadaan CAZymes terkait degradasi selulosa, dengan distribusi fungsi gen berdasarkan klasifikasi COG dan jalur KEGG. Evaluasi gen selulolitik mengidentifikasi MEPB8-b, MEPB8-c, MEPB8-d, MEPB8-e, dan MEPB8-f sebagai protein berpotensi selulolitik yang termasuk famili *Glycoside Hydrolase 5* (GH5). Hasil ini menunjukkan potensi metabolik mikrobioma usus monyet liar dalam mendukung degradasi selulosa dan adaptasi terhadap diet serat.

Kata kunci: gen selulolitik, mikrobioma usus, metagenomik, monyet ekor panjang, diet serat

ABSTRACT

SYDNEY PRAMADINA. Metagenomic-Based Exploration of Cellulolytic Genes in the Gut Microbiome of *Macaca fascicularis* at IPB Dramaga Campus. Supervised by RAHADIAN PRATAMA and PUJI RIANTI.

Cellulose is the main component of plant cell walls that cannot be directly digested by mammals, so its degradation depends on cellulase enzymes produced by gut microorganisms. The long-tailed macaque (*Macaca fascicularis*) with a high-fiber diet is a relevant model for studying cellulolytic bacterial communities. This study aimed to identify the diversity and functional potential of cellulolytic bacteria in wild macaques in the IPB area using a metagenomic approach based on Oxford Nanopore PromethION 2 Solo. Sequencing yielded 1,304,690 and 2,077,275 reads from two samples, with 66 metagenome-assembled *genomes* (MAGs) reconstructed and 12 medium- to high-quality MAGs identified. Functional gene analysis revealed CAZymes enzymes related to cellulose degradation, with gene function distribution based on COG classification and KEGG pathways. Evaluation of cellulolytic genes identified MEPB8-b, MEPB8-c, MEPB8-d, MEPB8-e, and MEPB8-f as potentially cellulolytic proteins belonging to the Glycoside Hydrolase 5 (GH5) family. These results indicate the metabolic potential of the gut microbiome of wild macaques in supporting cellulose degradation and adaptation to a fiber-rich diet.

Keywords: cellulolytic genes, gut microbiome, metagenomic, long-tailed macaque, fiber diet



- 

EKSPLORASI GEN SELULOLITIK BERBASIS METAGENOMIK PADA MIKROBIOMA USUS *Macaca fascicularis* DI KAMPUS IPB DRAMAGA

SYDNEY PRAMADINA

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.

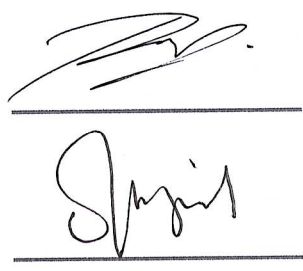
Tim Penguji pada Ujian Skripsi:

1. Dr. dr. Husnawati, S.Ked., M.Si.
2. Dr. Dimas Andrianto, S.Si., M.Si.

Judul Skripsi : Eksplorasi Gen Selulolitik Berbasis Metagenomik pada Mikrobioma Usus
Macaca fascicularis di Kampus IPB Dramaga
Nama : Sydney Pramadina
NIM : G8401221006

Disetujui oleh

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



Pembimbing 2:
Dr. Puji Rianti, S.Si., M.Si.
NIP 198302222012122000

Diketahui oleh

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



Tanggal Ujian:
6 Mei 2026

Tanggal Lulus:

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-Nya. Sehingga, penulis dapat menyelesaikan karya ilmiah yang berjudul "Eksplorasi Gen Selulolitik Berbasis Metagenomik pada Mikrobioma Usus *Macaca fascicularis* di Kampus IPB Dramaga". Penelitian ini dilakukan di Laboratorium Keteknikan Departemen Biokimia, Institut Pertanian Bogor dan didukung oleh Dana Hibah Program Penelitian Dosen Muda Tahun Anggaran 2025 untuk Dr. Rahadian Pratama, dengan nomor 11599/IT3.D10/PT.01.03/P/B/2025

Keberhasilan penulis untuk menyelesaikan karya ilmiah ini tidak lepas dari bantuan bimbingan dan dukungan semua pihak terkait. Oleh karena itu, penulis berterima kasih kepada:

1. Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si, M.Si selaku pembimbing pertama dan Dr. Puji Rianti, S.Si., M.Si selaku pembimbing kedua yang telah membimbing, memberikan ilmu, dan saran selama penelitian dijalankan dan penyusunan karya ilmiah ini.
2. Penulis mengucapkan terima kasih kepada PaninBank dan Yayasan Satriabudi Dharma Setia (YSDS) atas dukungan fasilitas serta pemanfaatan instrumen laboratorium yang diberikan dalam pelaksanaan penelitian ini
3. Komdik, laboran, dan semua civitas departemen biokimia yang turut membantu selama perkuliahan dan penelitian.
4. Orang tua penulis yaitu Yenti dan Muhammad Fadly Padilah, yang selalu memberikan dukungan dan doa di setiap langkah penulis. Selalu menjadi penenang dan pemberi nasihat serta menjadi tempat pulang bagi penulis.
5. Adik-adik penulis yaitu Reypan Bopa dan Navisha Aqilah, terima kasih atas perhatian, senyum, dan semangat yang selama ini diberikan. Sepupu-sepupu penulis dan keluarga lainnya.
6. Teman-teman bimbingan Pak Raha, yaitu Nadya Shafina Yuwana, Aulia Rahma Fauzia, Tillah Putri Ivanza, Muhammad Ilham Zakaria, Farel Immanuel W. Purba, Dyaning Sri Pramestiasari, Firli Nur Zahrah, Cheril Naulin Pinanda, Maryam, Annisa Julyantina Moureen, Salsabila Putri Maharani, dan Syahida Zulfa Raihani. Terima kasih telah menjadi teman serta rekan dalam menjalani penelitian dan pembuatan karya ilmiah ini.
7. Teman terdekat penulis Winaya Alifia Mumtaz, Maulana Hanif Firdaus, Sazkia Ananda Zykri, Nabil Hamzah Ash Shiddiq, Muhamad Roni Fahmi, Sri Putri Anggun Wahyuni, Sarah Hanifah, dan Chairu Anisa Nabila. Penulis begitu bersyukur dikelilingi oleh orang-orang baik dan suportif. Kebersamaan dan motivasi yang teman-teman berikan sangat berarti dalam membantu penulis menyelesaikan penelitian ini dengan baik.
8. Teman-teman Biokimia 59 (Rubisco) yang telah kebersamai dari awal perkuliahan hingga proses semester akhir.

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

Bogor, Juli 2026

Sydney Pramadina

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.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	viii
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR LAMPIRAN	ix
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
1.5 Hipotesis	2
II TINJAUAN PUSTAKA	3
2.1 Selulosa	3
2.2 Degradasi Selulosa oleh Mikroorganisme	4
2.3 <i>Whole Metagenome Sequencing</i>	6
2.4 Mikrobioma Usus	8
2.5 Monyet Ekor Panjang	9
2.6 Analisis Bioinformatika	11
III METODE	13
3.1 Waktu dan Tempat	13
3.2 Alat dan Bahan	13
3.3 Prosedur Kerja	13
3.4 Analisis Bioinformatika	18
IV HASIL	21
4.1 Kualitas Integritas DNA	21
4.2 Kemurnian dan Konsentrasi DNA	21
4.3 Evaluasi Kualitas Data Sekuensing	22
4.4 Perakitan dan Rekonstruksi MAG	23
4.5 Anotasi Gen Fungsional	25
4.6 Evaluasi Gen Selulolitik	35
V PEMBAHASAN	40
5.1 Kualitas dan Integritas DNA	40
5.2 Kemurnian dan Konsentrasi DNA	40
5.3 Evaluasi Kualitas Data Sekuensing	41
5.4 Perakitan dan Rekonstruksi MAG	43
5.5 Anotasi Gen Fungsional	44
5.6 Evaluasi Gen selulolitik	53
VI SIMPULAN DAN SARAN	56
6.1 Simpulan	56
6.2 Saran	56
DAFTAR PUSTAKA	57
LAMPIRAN	68
RIWAYAT HIDUP	74



DAFTAR TABEL

1	Mikroorganisme penghasil enzim selulase	5
2	Koordinat pengambilan sampel feses MEP	14
3	Parameter <i>basecalling</i>	18
4	Kemurnian dan konsentrasi hasil ekstraksi DNA	22
5	Metrik evaluasi kualitas hasil sekuensing	22
6	Evaluasi hasil <i>assembly</i> menggunakan QUAST	24
7	Evaluasi kualitas MAG terpilih hasil <i>binning</i>	25
8	Klasifikasi MAG <i>high quality</i>	26
9	Klasifikasi dan potensi selulolitik MEPB.7, MEPB.8, dan MEPB.21	31
10	Hasil pencarian <i>conserved domain</i>	36
11	Hasil pohon filogenetik	37

DAFTAR GAMBAR

1	Struktur selulosa	3
2	Selulosa sebagai penyusun dinding sel	4
3	Degradasi selulosa oleh enzim selulase	5
4	<i>Pathway</i> degradasi selulosa	6
5	Skema <i>whole metagenome sequencing</i>	7
6	Proses <i>nanopore sequencing</i>	8
7	Monyet ekor panjang	10
8	Asrama Sylvaestari IPB University	11
9	Tampilan ruang kerja UseGalaxy	12
10	Pita DNA Sampel MEPB1, MEPB2, dan MEPB3	21
11	Grafik hubungan antara panjang bacaan dan nilai kualitas bacaan	23
12	Distribusi kategori COG pada MEPB.34	27
13	Distribusi kategori COG pada MEPB.56	27
14	Distribusi kategori COG MEPB.23	28
15	Kategori <i>Clusters of orthologous Groups</i> (COG)	28
16	Distribusi jalur metabolik KEGG pada MAG <i>high quality</i>	29
17	Distribusi famili CAZy	30
18	Kategori COG pada MEPB.7	32
19	Kategori COG pada MEPB.8	32
20	Kategori COG pada MEPB.21	33
21	Kategori COG	33
22	Distribusi jalur metabolik KEGG pada MAG selulolitik	34
23	Sintesis asetat melalui jalur <i>pta-ackA</i>	47
24	Degradasi selulosa secara enzimatik	50
25	Fermentasi piruvat menjadi produk SCFAs	51



DAFTAR LAMPIRAN

1	Bagan alir penelitian	68
2	<i>Quality control</i> bin MAG menggunakan QUAST	69
3	Enzim pendukung jalur degradasi selulosa	70
4	Karakteristik ORF gen MAG selulolitik	71
5	<i>Conserved domain</i>	72