

EKSPLORASI GEN FUNGSIONAL MIKROBIOM TANAH BERBASIS METAGENOMIK PADA EKOSISTEM TANAH TERDAMPAK LIMBAH IPB DRAMAGA

AULIA RAHMA FAUZIA



**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 Mikrobiom Tanah Berbasis Metagenomik pada Ekosistem Tanah Terdampak Limbah 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

Aulia Rahma Fauzia
G8401221077

- 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

AULIA RAHMA FAUZIA. Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobiom Tanah Berbasis Metagenomik pada Ekosistem Tanah Terdampak Limbah Kampus IPB Dramaga. Dibimbing oleh RAHADIAN PRATAMA dan I MADE ARTIKA.

Aktivitas pengelolaan limbah di lingkungan kampus berpotensi memengaruhi struktur komunitas dan fungsi mikrobiom tanah. Penelitian ini bertujuan menentukan struktur komunitas mikrobiom dan diversitas gen fungsional pada ekosistem tanah terdampak limbah di Kampus Institut Pertanian Bogor menggunakan pendekatan studi metagenomik. DNA total diekstraksi, dilakukan kontrol kualitas, sekuensing, dan analisis bioinformatika untuk klasifikasi taksonomi serta anotasi gen fungsional berdasarkan kategori *Clusters of Orthologous Groups* dan jalur *metabolisme Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*. Hasil analisis taksonomi menunjukkan dominansi filum *Proteobacteria* dan *Actinobacteria*. Analisis fungsional mengungkap keberadaan gen-gen yang terlibat dalam degradasi senyawa xenobiotik serta gen resistensi terhadap logam berat dan antibiotik. Kategori *Function Unknown* merupakan kelompok gen dengan proporsi tertinggi pada seluruh sampel. Temuan ini menunjukkan bahwa tanah terdampak limbah di lingkungan kampus memiliki potensi metabolik yang kompleks dan adaptif, serta menyediakan dasar ilmiah untuk pemahaman peran komunitas mikrob dalam proses bioremediasi di ekosistem tanah terdampak limbah.

Kata kunci: gen fungsional, metagenomik, mikrobiom tanah, tanah limbah

ABSTRACT

AULIA RAHMA FAUZIA. Functional Gene Exploration of Soil Microbiome Based on Metagenomics in Waste-Impacted Soil Ecosystem at IPB Dramaga Campus. Supervised by RAHADIAN PRATAMA and I MADE ARTIKA.

Waste management activities in campus environments have the potential to alter the structure and functional capacity of soil microbial communities. This study aimed to determine the microbiome community structure and functional gene diversity in waste-impacted soil ecosystems at Institut Pertanian Bogor Campus using a metagenomic approach. Total DNA was extracted, followed by quality control, sequencing, and bioinformatic analyses for taxonomic classification and functional gene annotation based on Clusters of Orthologous Groups categories and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes metabolic pathways. Taxonomic analysis revealed the dominance of *Proteobacteria* and *Actinobacteria*. Functional analysis identified genes involved in xenobiotic compound degradation pathways as well as genes conferring resistance to heavy metals and antibiotics, particularly RND efflux pumps and arsenic resistance systems. Genes of unknown function accounted for the highest proportion across all samples. These findings demonstrate that waste-impacted campus soil harbors complex and adaptive metabolic potential, providing a scientific basis for understanding the role of microbial communities in bioremediation in waste-impacted soil ecosystems.

Keywords: functional genes, metagenomics, soil microbiome, waste-impacted soil



@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 MIKROBIOM TANAH BERBASIS METAGENOMIK PADA EKOSISTEM TANAH TERDAMPAK LIMBAH IPB DRAMAGA

AULIA RAHMA FAUZIA

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. Ukhradiya Magharaniq Safira P., S.Si., M.Si.

- 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.

Judul Skripsi : Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobiom Tanah Berbasis Metagenomik pada Ekosistem Tanah Terdampak Limbah Kampus IPB Dramaga

Nama : Aulia Rahma Fauzia

NIM : G8401221077

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



Tanggal Ujian:
6 Mei 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 Oktober 2025 sampai bulan Februari 2026 ini ialah Metagenomik, dengan judul “Eksplorasi Gen Fungsional Mikrobiom Tanah Berbasis Metagenomik pada Ekosistem Tanah Terdampak Limbah Kampus IPB Dramaga”. Penelitian ini 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 skripsi 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 yang telah memberikan banyak sekali ilmu pengetahuan yang menuntun penulis berjalan melewati kemudahan maupun kesulitan selama menjalankan penelitian dan penyusunan tugas akhir.
2. Prof. Dr. Ir. I Made Artika, M.App.Sc selaku pembimbing kedua penulis yang telah memberikan arahan dan masukkan berharga selama proses penyusunan tugas akhir.
3. Terima kasih PaninBank dan Yayasan Satriabudi Dharma Setia (YSDS) atas dukungan fasilitas serta pemanfaatan instrumen laboratorium yang diberikan dalam pelaksanaan penelitian ini.
4. Bapak Kurnianto Pudji Santoso dan Ibu Indrayani, orang tua penulis yang selalu mendukung penulis dari segala sisi dan dalam segala bentuk yang tidak dapat dideskripsikan, juga yang tiada hentinya melangitkan doa-doa baik untuk penulis, dan memberikan dukungan yang sangat cukup selama penulis berkuliah. Terima kasih Ayah, Ibu, sudah percaya dan yakin bahwa penulis bisa menyelesaikan tugas akhir serta studi S-1 di IPB University dengan baik.
5. Adik-adik penulis, Akmal Dzaky Khairullah, Almira Zaahirah Putri, Aisyah Humairah Santoso (Almh.), dan Sepupu penulis, Shofi 'Alifah Nuraini, terima kasih atas perhatian, senyum, dan semangat yang selama ini diberikan.
6. Teman-teman bimbingan Bapak Dr. Rahadian. Syahida Zulfa, Dyaning Sri, Ilham Zakaria, Nadya Shafina, Tillah Putri, Maryam, Annisa Moureen, Cheril Naulin, dan terkhususnya Sydney Pramadina, Farel Immanuel W. Purba, dan Salsabila Maharani Putri. Terima kasih atas banyaknya waktu dan tenaga yang dihabiskan untuk bertukar pikiran, memperdalam ilmu bersama, dan menjadi figur yang seringkali mengeluarkan penulis dari rasa ketidaktahuan mengenai penelitian ini.
7. Winaya Alifia Mumtaz, Khansa Destiandani, dan Devi Tulak Astuti. Terima kasih atas kesediaan teman-teman untuk banyak meluangkan dukungan, baik secara eksistensi, emosional, instrumental, maupun saran, nasihat, dan motivasi selama penulis mengerjakan tugas akhir. Kehadiran teman-teman sangat, bahkan lebih dari cukup untuk penulis.
8. Teman-teman terdekat penulis, Anggita Pratiwi, Ahda Ramadhinta, Alya Pandiangan, Sofia Balqis Khoirunnisa, Firli Nur Zahrah, Nurul Rahma, Siti Sulistiyani, Lulu Nabilah, dan Naura Fianti. Terima kasih atas kebersamaan



yang telah terjalin dan menjadi teman seperjuangan dalam menghadapi tugas, praktikum, dan perkuliahan di Departemen Biokimia.

9. Teman-teman kos cantik, Namira Rinda Athaya, Anindya Septyani, dan Jennifer Tanaki yang telah kebersamai penulis sejak pertama kali menginjakkan kaki di dunia perkuliahan hingga penyusunan tugas akhir ini selesai.
10. Teman-teman dekat selama kegiatan Kuliah Kerja Nyata. Keisha, Sarah, Biyaka, Ainur, dan Arsyad. Terima kasih atas waktu, tawa, dan dukungan yang masih terus terjalin hingga saat ini.
11. Keluarga besar Rubisco Biokimia 59, atas dukungan dan kebersamaan yang turut mewarnai perjalanan penulis selama menempuh studi di Departemen Biokimia.

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

Bogor, Juli 2026

Aulia Rahma Fauzia

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	x
DAFTAR GAMBAR	x
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 Taman Semangat IPB	3
2.2 Ekosistem Tanah Limbah	4
2.3 Biodiversitas Mikrobiom Tanah Limbah	5
2.4 <i>Whole Metagenome Sequencing</i>	6
2.5 <i>Metagenome Assembled Genomes</i>	9
2.6 <i>Biosynthetic Gene Clusters</i>	10
III METODE	12
3.1 Waktu dan Tempat	12
3.2 Bahan dan Alat	12
3.3 Prosedur Kerja	12
3.4 Analisis Bioinformatika	18
IV HASIL	20
4.1 Kemurnian dan Konsentrasi DNA	20
4.2 Integritas DNA	21
4.3 Evaluasi Kualitas Data Sekuensing	21
4.4 Klasifikasi Taksonomi Mikrob pada Tanah Terpapar Limbah	22
4.5 Analisis Struktur Komunitas Bakteri Tanah Terpapar Limbah	24
4.6 Anotasi Gen Fungsional pada Ekosistem Tanah Terpapar Limbah	25
4.7 Profil Carbohydrate-Active Enzymes pada Tanah Terpapar Limbah	29
4.8 Kapasitas Katabolisme Senyawa Xenobiotik dan Polutan Organik	32
V PEMBAHASAN	34
5.1 Kontrol Kualitas DNA Tanah Limbah	34
5.2 Kontrol Kualitas Hasil Sekuensing	35
5.3 Keragaman Spesies Mikrob pada Tanah Terpapar Limbah	36
5.4 Komposisi Taksonomi Mikrob Tanah Terpapar Limbah	37
5.5 Analisis Struktur Komunitas Mikrob Tanah Terpapar Limbah	38
5.6 Anotasi Gen Fungsional Tanah Terpapar Limbah	39
VI SIMPULAN DAN SARAN	46
6.1 Simpulan	46
6.2 Saran	46
DAFTAR PUSTAKA	47
LAMPIRAN	56
RIWAYAT HIDUP	58



DAFTAR TABEL

1	Titik koordinat pengambilan sampel	13
2	Parameter <i>basecalling</i>	18
3	Hasil pengukuran kualitas DNA dengan <i>MaestroNano Pro</i>	20
4	Hasil pengukuran kualitas dan konsentrasi DNA dengan Quantus	20
5	Kontrol kualitas hasil sekuensing sampel LMB2–LMB4	22
6	Jumlah <i>reads</i> dan persentase sekuens terklasifikasi	23
7	Komposisi kelimpahan relatif kelompok organisme terklasifikasi	23
8	Profil distribusi kelas enzim <i>Carbohydrate-Active Enzymes</i>	30
9	Distribusi famili <i>Glycoside Hydrolase</i> (GH) kunci	31
10	Distribusi famili <i>Glycosyl Transferase</i> (GT)	31
11	Profil enzim <i>Auxiliary Activity</i> dan modul pengikat substrat	31

DAFTAR GAMBAR

1	Taman Semangat Institut Pertanian Bogor	3
2	Rumah kompos pengolahan limbah organik Taman Semangat	4
3	Diversitas mikrobiom tanah	5
4	Perbedaan prinsip kerja pengurutan DNA	7
5	Prinsip sekuensing TGS	8
6	PromethION 2 Solo	9
7	Alur kerja analisis metagenomik untuk rekonstruksi genom mikrob	10
8	Alur kerja identifikasi dan analisis BGCs dalam produksi metabolit	11
9	Hasil elektroforesis ekstraksi DNA sampel tanah limbah	21
10	Diagram pencar hubungan perbandingan panjang <i>reads</i> dengan rata-rata	22
11	Komposisi taksonomi pada tingkat (a) filum dan (b) famili bakteri	24
12	Kurva rarefaksi dari Sampel Tanah Limbah	24
13	<i>Heatmap</i> berbagai kelompok takson pada level famili pada sampel	25
14	Profil distribusi kategori fungsional (COG)	26
15	Profil jalur metabolisme (<i>KEGG Pathways</i>) LMB2	27
16	Profil jalur metabolisme (<i>KEGG Pathways</i>) LMB3	28
17	Profil jalur metabolisme (<i>KEGG Pathways</i>) LMB4	28
18	Profil distribusi kelas <i>carbohydrate-active enzymes</i>	29
19	Profil kelimpahan jalur metabolisme degradasi senyawa xenobiotik	32
20	<i>Heatmap</i> kelimpahan gen resistensi	33