

PROFIL DAN POTENSI GENOMIK MIKROBA PADA KOMBUCHA BERBAHAN DASAR BANGLE (*Zingiber montanum*) MELALUI ANALISIS *WHOLE METAGENOME SEQUENCING*

KAMILA SHARANI



**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 “Profil dan Potensi Genomik Mikroba pada Kombucha Berbahan Dasar Bangle (*Zingiber montanum*) Melalui Analisis *Whole Metagenome Sequencing*” adalah karya saya berdasarkan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apapun pada perguruan tinggi manapun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan telah dicantumkan dalam bagian Daftar Pustaka di akhir skripsi ini.

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

Bogor, Agustus 2026

Kamila Sharani
G8401221047



@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

KAMILA SHARANI. Profil dan Potensi Genomik Mikroba pada Kombucha Berbahan Dasar Bangle (*Zingiber montanum*) Melalui Analisis *Whole Metagenome Sequencing*. Dibimbing oleh SYAEFUDIN dan RAHADIAN PRATAMA.

Fermentasi kombucha melibatkan komunitas bakteri dan khamir, tetapi komposisi mikroba dan potensi fungsional kombucha berbahan dasar bangle (*Zingiber montanum*) masih belum banyak diketahui. Penelitian ini mengarakterisasi komunitas mikroba dan potensi genomik kombucha bangle selama fermentasi 14 hari menggunakan *whole metagenome sequencing*. Selama fermentasi, nilai pH dan °Brix menurun, sedangkan *total dissolved solids* meningkat. Komunitas mikroba didominasi oleh *Acetobacteraceae* (88–98,5%), terutama genus *Komagataeibacter* dan *Acetobacter*. Rekonstruksi metagenom menghasilkan empat MAG berkualitas sedang hingga tinggi yang teridentifikasi sebagai *Acetobacter senegalensis* berdasarkan nilai ANI 97,52–97,80% dan dDDH 78,5–81,0%. Anotasi fungsional menunjukkan dominasi gen yang terkait dengan metabolisme, transport, dan biogenesis membran, serta potensi biotransformasi senyawa aromatik/fenolik, sedangkan analisis *biosynthetic gene cluster* mengidentifikasi kluster *hserlactone*, *terpene*, *redox-cofactor*, *RiPP-like*, dan *NRPS*. Temuan ini menunjukkan dominasi bakteri asam asetat serta potensi biosintesis yang dimiliki oleh mikrobioma kombucha bangle.

Kata kunci: *Acetobacter senegalensis*, bangle, *biosynthetic gene clusters*, kombucha, metagenomik

ABSTRACT

KAMILA SHARANI. Microbial Profile and Genomic Potential of Kombucha Prepared from Bangle (*Zingiber montanum*) Revealed by Whole Metagenome Sequencing. Supervised by SYAEFUDIN and RAHADIAN PRATAMA.

Kombucha fermentation involves bacterial and yeast communities; however, the microbial composition and functional potential of kombucha prepared from *Zingiber montanum* remain poorly understood. This study characterized the microbial community and genomic potential of bangle kombucha during a 14-day fermentation using whole metagenome sequencing. During fermentation, pH and °Brix decreased, while total dissolved solids increased. The microbial community was dominated by *Acetobacteraceae* (88–98.5%), particularly the genera *Komagataeibacter* and *Acetobacter*. Metagenome reconstruction generated four medium to high quality MAGs identified as *Acetobacter senegalensis* based on ANI values of 97.52–97.80% and dDDH values of 78.5–81.0%. Functional annotation revealed the predominance of genes associated with metabolism, transport, membrane biogenesis, as well as the potential for aromatic/phenolic compound biotransformation, whereas biosynthetic gene cluster analysis identified *hserlactone*, *terpene*, *redox-cofactor*, *RiPP-like*, and *NRPS* clusters. These findings highlight the dominance of acetic acid bacteria and the biosynthetic potential of the bangle kombucha microbiome.

Keywords: *Acetobacter senegalensis*, bangle, *biosynthetic gene clusters*, kombucha, metagenomic



@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.

**PROFIL DAN POTENSI GENOMIK MIKROBA PADA
KOMBUCHA BERBAHAN DASAR BANGLE (*Zingiber montanum*)
MELALUI ANALISIS *WHOLE METAGENOME SEQUENCING***

KAMILA SHARANI

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:

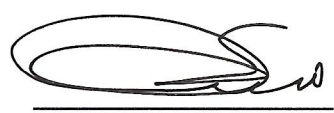
- 1 Prof. Dr. Waras Nurcholis, S.Si., M.Si.
- 2 Dr. Popi Asri Kurniatin S.Si., Apt., M.Si.

Judul : Profil dan Potensi Genomik Mikroba pada Kombucha Berbahan Dasar Bangle (*Zingiber montanum*) Melalui Analisis *Whole Metagenome Sequencing*

Nama : Kamila Sharani
NIM : G8401221047

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Dr. Syaefudin, S.Si., M.Si.



Pembimbing 2:
Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si.



Diketahui oleh:

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



Tanggal Ujian:
3 Juli 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 subhanahu wa ta'ala atas rahmat dan petunjuk-Nya sehingga skripsi berjudul “Profil dan Potensi Genomik Mikroba pada Kombucha Berbahan Dasar Bangle (*Zingiber Montanum*) Melalui Analisis *Whole Metagenome Sequencing*” berhasil diselesaikan.

Penulis menyampaikan ucapan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada seluruh pihak yang telah memberikan bantuan, dukungan, dan doa selama penyusunan skripsi ini. Adapun ucapan terima kasih tersebut penulis sampaikan kepada:

1. Dr. Syaefudin, S.Si., M.Si. sebagai pembimbing pertama dan Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si. sebagai pembimbing kedua, atas ilmu, arahan, masukan, serta kritik dan saran yang sangat berharga dalam proses penyusunan dan penyempurnaan skripsi ini.
2. Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi Republik Indonesia (Kemendiknasaintek) atas dukungan pendanaan penelitian melalui skema Penelitian Fundamental Reguler (PFR) Multiyears 2025–2026, sehingga penelitian ini dapat terlaksana dengan baik.
3. Yayasan Satria Budi Dharma Setia (YSDS) atas dukungan fasilitas Oxford Nanopore PromethION beserta reagen *sequencing* yang digunakan dalam pelaksanaan analisis *Whole Metagenome Sequencing* pada penelitian ini.
4. Pembimbing akademik, penguji seminar, dan penguji sidang komprehensif atas saran, masukan, dan evaluasi yang diberikan dalam penyempurnaan karya ilmiah ini, serta staf Laboratorium Biokimia atas bantuan teknis dan dukungan fasilitas selama pelaksanaan penelitian.
5. Keluarga tercinta, Mamah dan alm. Appa, atas segala doa yang tidak pernah putus, kasih sayang yang tulus, dukungan moral maupun material, serta pengorbanan yang tidak ternilai selama perjalanan studi hingga penyusunan skripsi ini. Segala pencapaian penulis tidak terlepas dari peran besar keluarga.
6. Rekan-rekan Biokimia 59, khususnya Cheril Naulian P., Annisa J. Moureen, Zahra Nur Azizah, Maryam, Alifiah Hayanun, Intan Sukma M., Luthfia Laila N., Annisa Fauziyah A., Camila Niken, Syifa Malika, Ahda Ramadhinta, Kevin Daffa, M. Aulia Ghiffari, dan seluruh bimbingan Dr. Syaefudin, S.Si. atas kebersamaan, semangat, diskusi, bantuan, serta dukungan yang telah diberikan, baik dalam proses penelitian maupun penyusunan skripsi ini.
7. Azkiya Hafidzoh, Fildza Salimatu S., dan Hanifa Husna, atas doa, perhatian, semangat, serta kebersamaan yang senantiasa diberikan sehingga penulis dapat melalui proses penyusunan skripsi ini dengan lebih baik dan penuh semangat.

Diharapkan skripsi ini dapat bermanfaat bagi perkembangan ilmu pengetahuan, khususnya bidang medis, dan kesehatan masyarakat pada umumnya.

Bogor, Agustus 2026

Kamila Sharani



DAFTAR ISI

DAFTAR GAMBAR	xi
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR LAMPIRAN	xii
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 Kombucha	3
2.2 Bangle	4
2.3 <i>Whole Metagenome Sequencing</i> (WMS) menggunakan Oxford Nanopore Technologies (ONT)	5
2.4 Analisis Bioinformatika	6
III METODE	9
3.1 Waktu dan Tempat	9
3.2 Alat dan Bahan	9
3.3 Prosedur Penelitian	9
3.4 Analisis Bioinformatika	12
IV HASIL	17
4.1 Fisikokimia Kombucha Bangle	17
4.2 Kualitas DNA Hasil Ekstraksi	18
4.3 Kualitas Data Sekuensing	19
4.4 Klasifikasi Taksonomi Mikroba pada Kombucha Bangle	20
4.5 Struktur Komunitas Mikroba Kombucha Bangle	22
4.6 Karakteristik dan Klasifikasi Taksonomi MAG	24
4.7 Anotasi Gen Fungsional MAG	27
4.8 Prediksi <i>Biosynthetic Gene Cluster</i> (BGC) MAG	30
V PEMBAHASAN	33
5.1 Fermentasi dan Analisis Fisikokimia Kombucha Bangle	33
5.2 Kualitas DNA Hasil Ekstraksi	33
5.3 Kualitas Data Sekuensing	34
5.4 Taksonomi Mikroba pada Kombucha Bangle	35
5.5 Struktur Komunitas Mikroba Kombucha Bangle	36
5.6 Karakteristik dan Klasifikasi Taksonomi MAG	37
5.7 Anotasi Gen Fungsional MAG	39
Prediksi <i>Biosynthetic Gene Cluster</i> (BGC) MAG	43
VI SIMPULAN DAN SARAN	45
6.1 Simpulan	45
6.2 Saran	45

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 PUSTAKA	46
LAMPIRAN	59
RIWAYAT HIDUP	67

@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 GAMBAR

1	Struktur komunitas mikroba kombucha berdasarkan analisis sekuensing (16s rRNA dan ITS1)	3
2	Komposisi kimia kombucha	4
3	Makroskopis rimpang bangle	5
4	Prinsip dasar <i>nanopore sequencing</i>	6
5	Visualisasi <i>website</i> usegalaxy	7
6	Alur kerja rekonstruksi MAG	8
7	Hasil fermentasi kombucha	17
8	Hasil elektroforesis pasca ekstraksi DNA	18
9	Komposisi komunitas mikroba kombucha bangle pada berbagai tingkat taksonomi.	22
10	Kurva rarefaksi sampel kombucha bangle.	23
11	Analisis principal coordinate analysis (PCoA)	23
12	<i>Heatmap</i> kelimpahan komunitas mikroba kombucha bangle pada tingkat filum dan famili.	24
13	Pohon filogenetik MAG berbasis <i>whole genome</i>	26
14	Distribusi kategori fungsional COG pada empat MAG	28
15	Distribusi kelimpahan KEGG Ortholog (KO) pada empat MAG	28
16	Profil kelimpahan 5 KEGG pathways teratas pada empat MAG	29
17	Profil kelimpahan 5 CAZy teratas pada empat MAG	29
18	Kelimpahan kandidat enzim <i>direct biotransformation</i>	30

DAFTAR TABEL

1	Parameter <i>Basecalling</i>	12
2	Fisikokimia kombucha bangle pada durasi hari yang berbeda	18
3	Konsentrasi dan kemurnian DNA hasil ekstraksi	19
4	Hasil evaluasi kualitas sekuensing ONT	19
5	Persentase organisme terklasifikasi pada sampel kombucha bangle	21
6	Evaluasi kelengkapan MAG menggunakan CheckM2	25
7	Hasil evaluasi kualitas <i>assembly</i> MAG dengan Quast	25
8	Identifikasi MAG berbasis ANI, dDDH, dan TYGS	26
9	Hasil anotasi MAG menggunakan Bakta	27
10	Prediksi klaster gen biosintetik MAG	30



DAFTAR LAMPIRAN

1	Bagan alir penelitian	60
2	Perhitungan starter kombucha	61
3	Hasil fisikokimia kombucha bangle	62
4	Heatmap komunitas mikroba pada tingkat famili dan genus	63
5	Kualitas <i>assembly metagenome</i> dengan Quast	64
6	Distribusi CAZy MAG masing-masing kelas	65