

ANALISIS METAGENOMIK MIKROBIOMA TANAH TEGAKAN SENGON (*Falcataria falcata*) PADA BERBAGAI KETINGGIAN BERDASARKAN *SHOTGUN SEQUENCING*

DZIKRI AMANULLAH



**DEPARTEMEN SILVIKULTUR
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

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.

Perpustakaan IPB University



PERNYATAAN MENGENAI SKRIPSI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa skripsi dengan judul “Analisis Metagenomik Mikrobioma Tanah Tegakan Sengon (*Falcataria falcata*) pada Berbagai Ketinggian Berdasarkan *Shotgun 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, Juli 2026

Dzikri Amanullah
E4401221088



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

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.

Perpustakaan IPB University

ABSTRAK

DZIKRI AMANULLAH. Analisis Metagenomik Mikrobioma Tanah Tegakan Sengon (*Falcataria falcata*) pada Berbagai Ketinggian Berdasarkan *Shotgun Sequencing*, Dibimbing oleh ULFAH JUNIARTI SIREGAR dan RAHADIAN PRATAMA.

Keanekaragaman mikroba tanah berperan penting dalam memengaruhi kualitas tapak. Eksplorasi keragaman mikrobioma tanah dilakukan untuk menilai kondisi tapak tegakan sengon (*Falcataria falcata*) pada berbagai ketinggian menggunakan metagenomik. Analisis bioinformatika dilakukan menggunakan UseGalaxy dan divisualisasikan menggunakan paket *microeco* RStudio. Hasil menunjukkan profil taksonomi komunitas mikrobioma yang mirip pada seluruh lokasi, didominasi oleh domain bakteri dengan penyusun utama filum *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, dan *Planctomycetes*, serta genus *Streptomyces*, *Bradyrhizobium*, dan *Sphingomonas*. Indeks keanekaragaman alfa dan beta menunjukkan nilai yang mirip di seluruh tegakan. Draf genom dari metagenom dengan satu berkualitas tinggi dan tujuh berkualitas sedang berhasil direkonstruksi. Anotasi *clusters of orthologous genes* dan *Kyoto encyclopedia of genes and genomes* mengungkap fungsi dominan pada kategori metabolisme. Kelimpahan gen fungsional bervariasi berdasarkan kondisi letak geografis.

Kata kunci: *Falcataria falcata*, gen fungsional, keanekaragaman mikrobioma, metagenomik, mikrobioma tanah

ABSTRACT

DZIKRI AMANULLAH. Metagenomic Analysis of Soil Microbiome in Sengon (*Falcataria falcata*) Stands at Various Elevations Based on Shotgun Sequencing. Supervised by ULFAH JUNIARTI SIREGAR and RAHADIAN PRATAMA.

Soil microbial diversity plays a crucial role in influencing site conditions. Exploration of the soil microbiome diversity can assess the site conditions of sengon (*Falcataria falcata*) stands at various elevations using metagenomics. Bioinformatics analyses were conducted using UseGalaxy and visualized using the *microeco* package in RStudio. The results showed a similar taxonomic profile of the microbiome community across all locations, dominated by the bacterial domain with the main constituents of the phyla *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, and *Planctomycetes*, as well as the genera *Streptomyces*, *Bradyrhizobium*, and *Sphingomonas*. Alpha and beta diversity indices showed similar values across the stands. Draft genomes from metagenomes with one high quality and seven medium quality were successfully reconstructed. Clusters of orthologous genes and Kyoto encyclopedia of genes and genomes annotations revealed a dominant function in metabolism category. The abundance of functional genes varied based on geographical conditions.

Keywords: *Falcataria falcata*, functional gene, metagenome, microbiome diversity, soil microbiome



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.



ANALISIS METAGENOMIK MIKROBIOMA TANAH TEGAKAN SENGON (*Falcataria falcata*) PADA BERBAGAI KETINGGIAN BERDASARKAN *SHOTGUN SEQUENCING*

DZIKRI AMANULLAH

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

**DEPARTEMEN SILVIKULTUR
FAKULTAS KEHUTANAN DAN LINGKUNGAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University

IPB University
— Bogor Indonesia —

Perpustakaan 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.

Penguji pada Ujian Skripsi: Prof. Dr. Ir. Imam Wahyudi, M.S.



Judul Skripsi : Analisis Metagenomik Mikrobioma Tanah Tegakan Sengon
(*Falcataria falcata*) pada Berbagai Ketinggian Berdasarkan
Shotgun Sequencing

Nama : Dzikri Amanullah

NIM : E4401221088

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

Prof. Dr. Ir. Ulfah Juniarti Siregar, M.Agr.

Pembimbing 2:

Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si.

Diketahui oleh

Ketua Departemen :

Dr. Ati Dwi Nurhayati, S.Hut, M.Si.

NIP. 197706222007012001

Tanggal Ujian: 2 Juli 2026

Tanggal Lulus:

03 AUG 2026



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga penelitian dengan judul “Analisis Metagenomik Mikrobioma Tanah Tegakan Sengon (*Falcataria falcata*) Pada Berbagai Ketinggian Berdasarkan *Shotgun Sequencing*” yang dilaksanakan pada bulan September 2025 sampai bulan Juni 2026 telah berhasil diselesaikan. Ucapan terimakasih penulis sampaikan kepada semua pihak yang turut membantu dalam proses penyusunan skripsi ini, yaitu:

1. Prof. Dr. Ir. Ulfah Juniarti Siregar, M.Agr. selaku dosen pembimbing akademik sekaligus dosen pembimbing utama skripsi yang telah membimbing dan banyak memberikan saran dan masukan dalam penyusunan skripsi.
2. Dr. rer. nat. Rahadian Pratama, S.Si., M.Si. selaku dosen pembimbing anggota yang telah memberikan banyak saran, koreksi, dan arahan demi kesempurnaan skripsi.
3. Kedua orang tua tercinta, Bapak Edwar dan Ibu Imelda, serta seluruh keluarga besar yang tidak pernah lelah memberikan doa, kasih sayang, motivasi, serta dukungan moril maupun materil yang luar biasa kepada penulis.
4. Pihak pengelola tempat penelitian, yaitu Perhutani KPH Kediri, Dinas Kehutanan Jawa Tengah, Perhutani Forest Institute, SPTH Jawa Barat yang telah memberikan izin dan fasilitas penelitian sehingga penelitian ini dapat dilaksanakan dengan baik.
5. Pihak yang telah membantu dalam pengambilan sampel di lapangan, Teh Esti Nurianti, Teh Rahmah Zafirah, Kang Muhammad Rizqi, Teh Yunita Pramasari yang sudah membersamai, dan selalu menjadi *partner* yang baik dalam asisten praktikum.
6. Keluarga Laboratorium Genetika Hutan dan Kehutanan Molekuler, yang telah memberikan bantuan dan bimbingan kepada penulis selama proses pengolahan sampel penelitian.
7. Sahabat-sahabat Resort Yayasan Garda Peduli, Silvikultur 59, Fahutan 59, IGAF-LC IPB, TGC Kabinet Restorasi, kelompok KKN-T Desa Mekarsakti serta rekan-rekan satu bimbingan atas dukungan, kebersamaan, dan semangat dalam perjalanan perkuliahan hingga penyelesaian skripsi ini.

Semoga seluruh dukungan dan kebaikan yang telah diberikan kepada penulis mendapatkan balasan terbaik dari Allah SWT, yang senantiasa penulis sertakan dalam setiap doa-doa baik. Akhir kata, semoga karya ilmiah ini dapat memberikan manfaat bagi pihak yang membutuhkan serta bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juli 2026

Dzikri Amanullah



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

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.

Perpustakaan IPB University

DAFTAR ISI

DAFTAR ISI	i
DAFTAR TABEL	ii
DAFTAR GAMBAR	ii
DAFTAR LAMPIRAN	ii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
II TINJAUAN PUSTAKA	3
2.1 Keragaman Mikrobioma Tanah di Ekosistem Hutan	3
2.2 Teknologi <i>Shotgun Metagenomic Sequencing</i>	4
2.3 Rekonstruksi <i>Metagenome-Assembled Genomes</i> (MAGs)	7
2.4 Analisis Data Bioinformatika Menggunakan <i>Platform UseGalaxy</i> dan RStudio	10
III METODE	12
3.1 Waktu dan Tempat	12
3.2 Alat dan Bahan	13
3.3 Prosedur Kerja	13
3.4 Analisis Data Bioinformatika	16
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	22
4.1 Penilaian Tingkat Kerusakan Tegakan Sengon di Lapangan	22
4.2 Penilaian Kualitas Sampel DNA	22
4.3 Struktur dan Komposisi Mikrobioma Tanah	24
4.4 Profil Gen Fungsional	33
V SIMPULAN DAN SARAN	41
5.1 Simpulan	41
5.2 Saran	41
DAFTAR PUSTAKA	42
LAMPIRAN	49
RIWAYAT HIDUP	53



DAFTAR TABEL

1	Lokasi pengambilan sampel	12
2	Skoring tingkat keparahan serangan karat puru tanaman sengon	14
3	Persentase keparahan serangan karat puru pada sengon	14
4	Tingkat keparahan penyakit	14
5	Hasil perhitungan keparahan serangan penyakit karat puru	22
6	Hasil pengujian kualitas kemurnian DNA masing-masing sampel	23
7	Hasil <i>quality control</i> masing-masing sampel	24
8	Hasil perhitungan indeks keanekaragaman <i>alpha</i>	30
9	Hasil perhitungan matriks jarak Bray Curtis	31
10	Hasil perakitan <i>reads</i> metagenomik masing-masing sampel	33
11	Hasil rekonstruksi <i>metagenome-assembled genomes</i> (MAGs)	34
12	Persentase kelimpahan relatif MAGs pada masing-masing sampel	34
13	Persentase kelimpahan relatif Kategori KEGG <i>level 1</i>	37

DAFTAR GAMBAR

1	Protokol untuk studi metagenomik	4
2	Alur kerja <i>library preparation</i> untuk NGS	5
3	Sekuensing DNA <i>library</i> pada berbagai teknologi NGS	6
4	Alur kerja rekonstruksi <i>metagenome assembled genomes</i>	8
5	Alur algoritma de Bruijn <i>graph</i>	8
6	Diagram alir dari proses yang dilakukan di <i>microeco</i>	11
7	Peta lokasi pengambilan sampel dataran tinggi dan dataran rendah	12
8	Plot pengambilan sampel tanah	15
9	Kelimpahan relatif mikrob tingkat domain	25
10	Kelimpahan relatif komunitas mikrobioma	26
11	<i>Sequence depth</i> masing-masing sampel	29
12	Ordinasi PCoA matriks jarak Bray Curtis	32
13	Klasifikasi gen fungsional berdasarkan COG	35
14	Klasifikasi gen fungsional KEGG jalur metabolisme	37
15	Distribusi dominansi gen fungsional KEGG <i>level 3</i>	38

DAFTAR LAMPIRAN

1	Alur pengerjaan analisis bioinformatika	50
2	Kualitas sekuens per basa setelah <i>filtering and trimming</i>	51