

**ANALISIS METAGENOMIK EKOENZIM MENGGUNAKAN
METODE *NEXT-GENERATION SEQUENCING* (NGS)**

TESIS

HAQIL TRIYATDIPA

2321652003



Dosen Pembimbing:

- 1. Prof. apt. Marlina, MS., Ph.D**
- 2. Prof. Dr. Anthoni Agustien, M.Si**

**SEKOLAH PASCASARJANA
UNIVERSITAS ANDALAS**

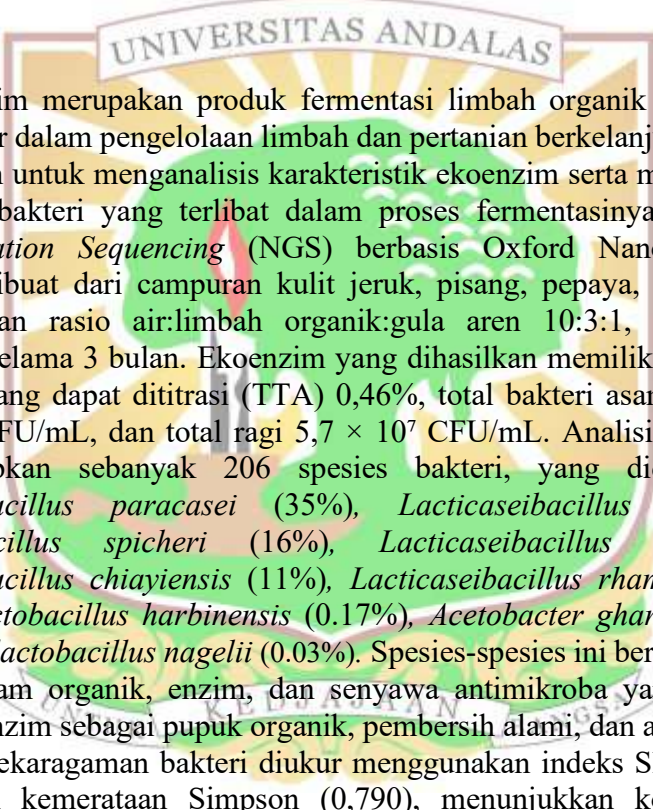
2025

ANALISIS METAGENOMIK EKOENZIM MENGGUNAKAN METODE *NEXT-GENERATION SEQUENCING* (NGS)

Oleh: Haqil Triyatdipa (2321652003)

(Dibawah bimbingan: Prof. apt. Marlina, MS., Ph.D dan Prof. Dr.
Anthoni Agustien, M.Si.)

Abstrak



Ekoenzim merupakan produk fermentasi limbah organik yang memiliki potensi besar dalam pengelolaan limbah dan pertanian berkelanjutan. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis karakteristik ekoenzim serta mengidentifikasi keragaman bakteri yang terlibat dalam proses fermentasinya menggunakan *Next-Generation Sequencing* (NGS) berbasis Oxford Nanopore. Sampel ekoenzim dibuat dari campuran kulit jeruk, pisang, pepaya, semangka, dan nanas dengan rasio air:limbah organik:gula aren 10:3:1, diikuti dengan fermentasi selama 3 bulan. Ekoenzim yang dihasilkan memiliki pH 3,22, total keasaman yang dapat dititrasi (TTA) 0,46%, total bakteri asam laktat (BAL) $1,8 \times 10^7$ CFU/mL, dan total ragi $5,7 \times 10^7$ CFU/mL. Analisis metagenomik mengungkapkan sebanyak 206 spesies bakteri, yang didominasi oleh *Lactocaseibacillus paracasei* (35%), *Lactocaseibacillus zae* (17%), *Levilactobacillus spicheri* (16%), *Lactocaseibacillus casei* (15%), *Lactocaseibacillus chiayiensis* (11%), *Lactocaseibacillus rhamnosus* (0.2%), *Schleiferilactobacillus harbinensis* (0.17%), *Acetobacter ghanensis* (0.08%), dan *Liquorilactobacillus nagelii* (0.03%). Spesies-spesies ini berkontribusi pada produksi asam organik, enzim, dan senyawa antimikroba yang mendukung fungsi ekoenzim sebagai pupuk organik, pembersih alami, dan agen pengendali hama. Keanekaragaman bakteri diukur menggunakan indeks Shannon-Weiner (1,730) dan kemerataan Simpson (0,790), menunjukkan komunitas yang seimbang. Penelitian ini memberikan wawasan baru tentang peran mikroba dalam fermentasi ekoenzim dan potensinya untuk aplikasi lingkungan dan pertanian.

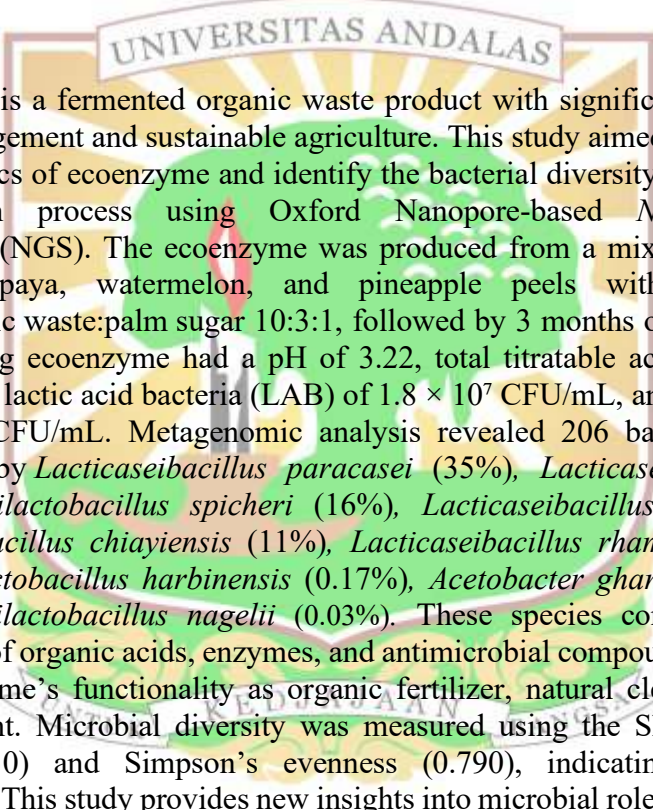
Kata kunci: Ekoenzim, metagenomik, *Next-Generation Sequencing*, bakteri asam laktat, fermentasi limbah organik.

METAGENOMIC ANALYSIS OF ECOENZYMES USING *NEXT-GENERATION SEQUENCING* (NGS) METHOD

Oleh: Haqil Triyatdipa (2321652003)

(Supervised: Prof. apt. Marlina, MS., Ph.D dan Prof. Dr. Anthoni Agustien, M.Si.)

Abstract



Ecoenzyme is a fermented organic waste product with significant potential in waste management and sustainable agriculture. This study aimed to analyze the characteristics of ecoenzyme and identify the bacterial diversity involved in its fermentation process using Oxford Nanopore-based *Next-Generation Sequencing* (NGS). The ecoenzyme was produced from a mixture of orange, banana, papaya, watermelon, and pineapple peels with a ratio of water:organic waste:palm sugar 10:3:1, followed by 3 months of fermentation. The resulting ecoenzyme had a pH of 3.22, total titratable acidity (TTA) of 0.46%, total lactic acid bacteria (LAB) of 1.8×10^7 CFU/mL, and total yeast of 5.7×10^7 CFU/mL. Metagenomic analysis revealed 206 bacterial species, dominated by *Lacticaseibacillus paracasei* (35%), *Lacticaseibacillus zeae* (17%), *Levilactobacillus spicheri* (16%), *Lacticaseibacillus casei* (15%), *Lacticaseibacillus chiayiensis* (11%), *Lacticaseibacillus rhamnosus* (0.2%), *Schleiferilactobacillus harbinensis* (0.17%), *Acetobacter ghanensis* (0.08%), and *Liquorilactobacillus nagelii* (0.03%). These species contribute to the production of organic acids, enzymes, and antimicrobial compounds, enhancing the ecoenzyme's functionality as organic fertilizer, natural cleaner, and pest control agent. Microbial diversity was measured using the Shannon-Weiner index (1.730) and Simpson's evenness (0.790), indicating a balanced community. This study provides new insights into microbial roles in ecoenzyme fermentation and its potential for environmental and agricultural applications.

Keywords: Ecoenzyme, metagenomics, *Next-Generation Sequencing*, lactic acid bacteria, organic waste fermentation.