

ANALISIS METABARCODING UNTUK IDENTIFIKASI DAN MONITORING BAKTERI PADA PRODUK TEMPE GMO DAN NON -GMO

Putri Nabila Chairunisa
22/509962/PBI/01914

Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada

INTISARI

Industri tempe merupakan salah satu industri pangan terbesar di Indonesia. Jenis kedelai yang digunakan dalam pembuatan tempe di Indonesia terbagi menjadi dua yakni kedelai GMO dan non-GMO. Hingga saat ini penelitian mengenai produk tempe berbahan dasar GMO hanya berfokus pada nilai mutu gizi yang ada dan tidak dengan keamanan dalam mengonsumsi produk tersebut. Oleh karena itu, salah satu substansi penting yang dapat menjadi tolak ukur dari keamanan pangan dari produk tersebut adalah dengan mengetahui diversitas komunitas bakteri yang ada pada produk tempe. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh jenis kedelai yang digunakan dalam proses pembuatan tempe terhadap komposisi komunitas bakteri pada produk tempe, serta keterkaitan antara komposisi komunitas bakteri yang ditemukan pada produk tempe GMO dan non-GMO terhadap kualitas pangan dari produk tempe. Penelitian ini menggunakan metode *High-Throughput Sequencing* (HTS) dengan platform *Oxford Nanopore Technologies* (ONT). Analisis data menggunakan EPI2ME dengan Kraken2 dan NCBI database sebagai parameter. Produk tempe GMO memiliki diversitas komunitas bakteri yang lebih tinggi dibandingkan produk tempe non-GMO dengan tempe GMO memiliki jumlah OTU sebanyak 21 OTU, 4 filum, 6 ordo, dan 21 genus pada sampelnya. Sedangkan, untuk produk tempe non-GMO memiliki jumlah OTU sebanyak 7 OTU, serta memiliki jumlah total 3 filum, 3 ordo, dan 7 genus, sedangkan untuk spesies unknown GMO teridentifikasi memiliki 33 spesies dan non-GMO 10 spesies. Produk tempe GMO dan non-GMO terkontaminasi bakteri patogen yakni *Staphylococcus aureus*, namun tempe non-GMO memiliki konsentrasi BAL yang lebih tinggi (94%) dibandingkan tempe GMO (91 %), sehingga dapat dikatakan tempe non-GMO lebih aman dikonsumsi dibandingkan tempe GMO.

Kata Kunci: Tempe, Produk Rekayasa Genetik, *High-Throughput Sequencing*, Komunitas Bakteri

METABARCODING ANALYSIS FOR IDENTIFICATION AND MONITORING OF BACTERIA IN GMO AND NON-GMO TEMPEH PRODUCTS

Putri Nabila Chairunisa
22/509962/PBI/01914

Faculty of Biology, Universitas Gadjah Mada

ABSTRACT

The tempeh industry is one of the largest food industries in Indonesia. The types of soybeans used in tempeh production in Indonesia are divided into two: GMO and non-GMO soybeans. Until now, research on GMO-based tempeh products has only focused on the nutritional quality, not on the safety of consuming such products. Therefore, an important aspect that can serve as a measure of the food safety of these products is to assess the diversity of bacterial communities present in tempeh products. This study aims to determine the influence of the type of soybean used in the tempeh-making process on the composition of bacterial communities in tempeh products, as well as the relationship between the bacterial community composition found in GMO and non-GMO tempeh products with the food quality of tempeh. This research utilizes High-Throughput Sequencing (HTS) with the Oxford Nanopore Technologies (ONT) platform. Data analysis is conducted using EPI2ME using Kraken2 with the NCBI database as parameter. The GMO tempeh product exhibits a higher bacterial community diversity compared to non-GMO tempeh, with GMO tempeh showing 21 OTUs, 4 phyla, 6 orders, and 21 genera in its samples. Meanwhile, non-GMO tempeh has 7 OTUs, a total of 3 phyla, 3 orders, and 7 genera, and for unknown species, GMO was identified to have 33 species, and non-GMO 10 species. Both GMO and non-GMO tempeh products were contaminated with pathogenic bacteria, specifically *Staphylococcus aureus*, but non-GMO tempeh had a higher concentration of lactic acid bacteria (94%) compared to GMO tempeh (91%). Therefore, non-GMO tempeh is considered safer to consume than GMO tempeh.

Keywords: Tempeh, Genetically Engineered Products, *High-Throughput Sequencing*, Bacterial Communities