UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Karakterisasi Mikrobiota dan Metabolit Tempe Gude Gunungkidul melalui Analisis Metabarcoding, Metabolomik, dan Fisikokimia
Ade Riyana Pangestika, Dr. Miftahul Ilmi, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

KARAKTERISASI MIKROBIOTA DAN METABOLIT TEMPE GUDE ASAL GUNUNGKIDUL MELALUI PENDEKATAN *METABARCODING*, METABOLOMIK, SERTA ANALISIS FISIKOKIMIA

Ade Riyana Pangestika

22/499349/BI/11052

Pembimbing: Dr. Miftahul Ilmi, S.Si., M.Sc. dan Dr. Ema Damayanti, M.Biotech

Intisari

Tempe gude adalah produk fermentasi tradisional berbahan baku kacang gude (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.). Tempe gude belum banyak dikaji secara ilmiah, sehingga karakterisasi komunitas mikroba dan sifat kimianya perlu dilakukan untuk mendukung pengembangannya sebagai pangan fungsional. Penelitian ini bertujuan mengkarakterisasi komunitas mikroba, senyawa volatil, dan sifat fisikokimia tempe gude selama fermentasi 24, 48, dan 72 jam menggunakan menggunakan pendekatan *metabarcoding* berbasis sekuensing menggunakan *Oxford Nanopre Technologies*, analisis senyawa volatil dengan metode *headspace solid-phase microextraction* (HS-SPME), analisis metabolomik dengan *High Resolution Mass Spectrometry* (HRMS) serta analisis proksimat dan fisikokimia. Sekuensing 16S rRNA menunjukkan bahwa komunitas bakteri didominasi *Staphylococcus gallinarum* yang menurun, *Lactococcus lactis*, dan *Acinetobacter baumannii* yang meningkat seiring lama fermentasi. Komunitas fungi yang diidentifikasi melalui sekuensing ITS1/ITS4 secara konsisten didominasi oleh *Hyphopichia burtonii* dan *Kodamaea ohmeri* pada seluruh waktu fermentasi. GC-MS mengidentifikasi 22 senyawa volatil dengan dominasi ester asam lemak dan terjadi pergeseran dari etil palmitat/etil oleat pada fermentasi 24 jam menjadi metil linoleat pada fermentasi 72 jam. Analisis metabolomik berbasis HRMS berhasil mengidentifikasi 189 senyawa metabolit, dengan senyawa dominan meliputi *gluconic acid, 1-Linoleoyl glycerol, methyl palmitate, linoleoyl ethanolamide,* dan *hexadecanamide*. Kadar protein meningkat dari 27,5%bk pada fermentasi 24 jam menjadi 50,64%bk pada fermentasi 72 jam, sementara karbohidrat menurun dari 68,90%bk menjadi 45,60%bk pada periode fermentasi yang sama. Nilai kecerahan L* juga menurun dari 66,03 pada fermentasi 24 jam menjadi 58,93 pada fermentasi 72 jam akibat reaksi Maillard dan oksidasi asam linoleat. Tempe gude terbukti mengalami perubahan komunitas mikroba, profil metabolit, dan karakteristik fisikokimia yang signifikan selama fermentasi 24, 48, dan 72 jam. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa tempe gude berpotensi dikembangkan sebagai pangan fungsional berbasis legum lokal yang kaya metabolit bioaktif.

KATA KUNCI : fermentasi, tempe, kacang gude, metagenomik, metabolomik

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Karakterisasi Mikrobiota dan Metabolit Tempe Gude Gunungkidul melalui Analisis Metabarcoding, Metabolomik, dan Fisikokimia
Ade Riyana Pangestika, Dr. Miftahul Ilmi, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

CHARACTERIZATION OF MICROBIOTA AND METABOLITES OF GUDE TEMPEH FROM GUNUNGKIDUL THROUGH METABARCODING, METABOLOMIC, AND PHYSICOCHEMICAL ANALYSIS

Ade Riyana Pangestika

22/499349/BI/11052

Pembimbing: Dr. Miftahul Ilmi, S.Si., M.Sc. dan Dr. Ema Damayanti, M.Biotech

Abstract

Tempe gude is a traditional fermented food made from pigeon pea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.). As *tempe gude* remains largely understudied, characterization of its microbial community and chemical properties is essential to support its development as a functional food. This study aimed to characterize the microbial community, volatile compounds, and physicochemical properties of *tempe gude* during 24, 48, and 72 hours of fermentation using sequencing metabarcoding by Oxford Nanopore Technologies, volatile compound analysis by Headspace Solid-Phase Microextraction (HS-SPME), metabolomic analysis by High Resolution Mass Spectrometry (HRMS), as well as proximate and physicochemical analyses. 16S rRNA sequencing revealed that the bacterial community was dominated by *Staphylococcus gallinarum*, which decreased over fermentation time, while *Lactococcus lactis* and *Acinetobacter baumannii* increased. Fungal communities identified through ITS1/ITS4 sequencing were consistently dominated by *Hyphopichia burtonii* and *Kodamaea ohmeri* throughout all fermentation stages. GC-MS identified 22 volatile compounds dominated by fatty acid esters, with a shift from ethyl palmitate/ethyl oleate at 24 hours to methyl linoleate at 72 hours of fermentation. HRMS-based metabolomic analysis identified 189 metabolites, with dominant compounds including gluconic acid, 1-linoleoyl glycerol, methyl palmitate, linoleoyl ethanolamide, and hexadecanamide. Protein content increased from 27.5%db at 24 hours to 50.64%db at 72 hours of fermentation, while carbohydrates decreased from 68.90%db to 45.60%db over the same period. The lightness value (L*) also decreased from 66.03 at 24 hours to 58.93 at 72 hours of fermentation, attributed to Maillard reactions and linoleic acid oxidation. Tempe gude demonstrated significant changes in microbial community, metabolite profiles, and physicochemical characteristics throughout 24, 48, and 72 hours of fermentation. These findings suggest that *tempe gude* has potential to be developed as a functional food derived from local legumes rich in bioactive metabolites.

KEYWORDS: fermentation, tempeh, pigeon pea, metagenomic, metabolomic