Investigasi Metagenomik Jalur Metabolisme Degradasi Biomassa Selulosa oleh Selulase Mikroba pada
Serasah Mangrove Bogowonto
Tri Susiloningsih, Prof. Dra. Rarastoeti Pratiwi, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INVESTIGASI METAGENOMIK JALUR METABOLISME DEGRADASI BIOMASSA SELULOSA OLEH SELULASE MIKROBA PADA SERASAH MANGROVE BOGOWONTO

Tri Susiloningsih

24/548064/PBI/02059

Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada

INTISARI

Degradasi selulosa merupakan proses ekologis yang berperan penting dalam menjaga keseimbangan fungsi ekosistem, termasuk pada ekosistem mangrove yang kaya akan biomassa organik. Proses ini mendukung siklus karbon, keseimbangan ekologi, serta ketersediaan nutrien dalam rantai makanan. Mikroorganisme, terutama bakteri dan fungi, berperan sebagai agen utama dalam degradasi selulosa melalui produksi selulase yang menghidrolisis selulosa menjadi senyawa yang lebih sederhana. Penelitian ini bertujuan untuk menginvestigasi struktur komunitas mikroba, merekonstruksi *metagenome-assembled genomes* (MAGs), mengidentifikasi gen penyandi selulase, dan merekonstruksi jalur degradasi biomassa selulosa pada ekosistem mangrove Bogowonto. Sampel serasah mangrove dikoleksi dari tiga stasiun pengamatan dan dianalisis menggunakan pendekatan metagenomik berbasis teknologi *long-read Oxford Nanopore Technologies* (ONT). Data metagenom dianalisis melalui tahapan bioinformatika yang meliputi analisis taksonomi, rekonstruksi MAG, anotasi fungsional, identifikasi *carbohydrate-active enzymes* (CAZyme), serta rekonstruksi jalur metabolisme degradasi selulosa. Hasil penelitian menunjukkan bahwa komunitas mikroba didominasi oleh Alphaproteobacteria dan Gammaproteobacteria, dengan dominansi Alphaproteobacteria pada Stasiun 1 serta Gammaproteobacteria pada Stasiun 2 dan Stasiun 3. Rekonstruksi genom menghasilkan 115 MAG berkualitas yang mengandung berbagai gen yang menyandi selulase yang berperan dalam degradasi selulosa. Gen β-glukosidase dari famili GH1 dan GH3 terdeteksi paling luas pada seluruh stasiun, sedangkan keberadaan GH48, AA10, dan *carbohydrate-binding modules* (CBM) mengindikasikan adanya mekanisme degradasi selulosa yang saling melengkapi. Penelitian ini berhasil merekonstruksi jalur degradasi selulosa pada serasah mangrove Bogowonto serta menunjukkan potensi fungsional komunitas mikroba yang tercermin dari keberadaan beragam gen penyandi selulase yang teridentifikasi pada MAGs berkualitas tinggi.

Kata Kunci: *Metagenomik, Degradasi Selulosa, Mangrove, ONT*

Investigasi Metagenomik Jalur Metabolisme Degradasi Biomassa Selulosa oleh Selulase Mikroba pada
Serasah Mangrove Bogowonto
Tri Susiloningsih, Prof. Dra. Rarastoeti Pratiwi, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

METAGENOMIC INVESTIGATION OF CELLULOSE BIOMASS DEGRADATION PATHWAYS BY MICROBIAL CELLULASE IN THE LITTER BOGOWONTO MANGROVE

Tri Susiloningsih

24/548064/PBI/02059

***Faculty of Biologi*, Universitas Gadjah Mada**

ABSTRACT

Cellulose degradation is an essential ecological process for maintaining ecosystem functions, particularly in mangrove ecosystems that are rich in organic biomass. This process supports the carbon cycle, ecological balance, and nutrient availability within the food web. Microorganisms, particularly bacteria and fungi, act as the primary agents of cellulose degradation by producing cellulase enzymes that hydrolyze cellulose into simpler compounds. This study aimed to investigate microbial community structure, reconstruct metagenome-assembled genomes (MAGs), identify cellulase-encoding genes, and reconstruct cellulose biomass degradation pathways in the Bogowonto mangrove ecosystem. Mangrove litter samples were collected from three sampling stations and analyzed using a metagenomic approach based on Oxford Nanopore Technologies (ONT) long-read sequencing. Metagenomic data were analyzed through a bioinformatics pipeline, including taxonomic analysis, MAG reconstruction, functional annotation, carbohydrate-active enzyme (CAZyme) identification, and reconstruction of cellulose degradation pathways. The results showed that the microbial community was dominated by Alphaproteobacteria and Gammaproteobacteria, with Alphaproteobacteria predominating at Station 1 and Gammaproteobacteria predominating at Stations 2 and 3. Genome reconstruction yielded 115 high-quality MAGs containing various cellulase-encoding involved in cellulose degradation. β-glucosidase genes belonging to the GH1 and GH3 families were widely distributed across all stations, whereas the presence of GH48, AA10, and carbohydrate-binding modules (CBM) indicated complementary cellulose degradation mechanisms. Overall, this study successfully reconstructed cellulose biomass degradation pathways involving synergistic interactions among cellulolytic enzymes within microbial communities associated with Bogowonto mangrove litter.

Keywords: *Metagenomics, Cellulose Degradation, Mangrove, ONT*