UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Profil Metabolit Hasil Fermentasi Non- Konvensional Produk â€œAGâ€• Olahan Tembakau dan Rempah serta Pengaruhnya bagi Masyarakat
Lucia Darakartini Arvandita, apt. Purwanto, M.Sc., Ph.D.; Yanuar Nugroho, Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Produk “AG” merupakan produk olahan tembakau dan rempah yang diberi perlakuan fermentasi non-konvensional. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi perubahan profil metabolit dan jalur fungsi prediktif mikroba pada produk “AG” selama perlakuan. Sampel penelitian terdiri atas H0 sebagai kontrol awal, H14R dan H35R sebagai sampel dengan perlakuan fermentasi non-konvensional, serta H14TR dan H35TR sebagai sampel tanpa perlakuan fermentasi non-konvensional. Profil metabolit dianalisis menggunakan LC-HRMS, sedangkan prediksi fungsi mikroba dilakukan menggunakan PICRUSt2. Hasil penelitian menunjukkan bahwa profil metabolit produk “AG” didominasi oleh kelompok benzenoid, fenilpropanoid dan poliketida, serta lipid dan molekul mirip lipid. Analisis PCA menunjukkan bahwa PC1 menjelaskan 46,1% variasi data dan PC2 menjelaskan 18,5%, dengan total variasi 64,6%. Pemisahan pada PC1 memperlihatkan bahwa perlakuan fermentasi non-konvensional menjadi faktor utama yang membedakan profil metabolit antara kelompok R dan TR. Pengaruh lama waktu perlakuan terlihat lebih terbatas, terutama pada kelompok R, melalui pemisahan H14R dan H35R pada PC2. Analisis PLS-DA memperkuat pola pemisahan antar kelompok, dengan *Component* 1 sebesar 45% dan *Component* 2 sebesar 18,5%. Berdasarkan VIP score, terdapat 21 metabolit dengan nilai VIP lebih dari 1, antara lain *mycolipanoic acid, 1-linoleoylglycerol, hyenic acid, arenediol, D-phenylalanine, fisetin, vanillin, nicotine, coumarin,* dan *stigmasterol*. Hasil *heatmap* dan *volcano plot* menunjukkan bahwa perubahan metabolit tidak berlangsung seragam, tetapi melibatkan senyawa fenolik, benzenoid, alkaloid, asam organik, dan lipid tertentu. Hasil PICRUSt2 menunjukkan peningkatan jalur *nicotine degradation III*, yang berpotensi berkaitan dengan penurunan kelimpahan relatif nicotine. Secara keseluruhan, perlakuan fermentasi non-konvensional lebih berperan dalam membentuk perubahan profil metabolit produk “AG” dibandingkan lama waktu perlakuan saja.

Kata Kunci: Fermentasi non-konvensional, LC-HRMS, *untargeted metabolomics, metabarcoding* 16S rRNA, PICRUSt2

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Profil Metabolit Hasil Fermentasi Non- Konvensional Produk â€œAGâ€• Olahan Tembakau dan Rempah serta
Pengaruhnya bagi Masyarakat**
Lucia Darakartini Arvandita, apt. Purwanto, M.Sc., Ph.D.; Yanuar Nugroho, Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Product “AG” is a tobacco–spice processed product subjected to non-conventional fermentation. This study aimed to evaluate changes in the metabolite profile and predicted microbial functional pathways of Product “AG” during treatment. The samples consisted of H0 as the initial control, H14R and H35R as samples with non-conventional fermentation, and H14TR and H35TR as samples without non-conventional fermentation. Metabolite profiling was performed using LC-HRMS, while microbial functional pathways were predicted using PICRUSt2. The metabolite profile of Product “AG” was dominated by benzenoids, phenylpropanoids and polyketides, and lipids and lipid-like molecules. Principal Component Analysis showed that PC1 explained 46.1% of the data variation, while PC2 explained 18.5%, with a cumulative variation of 64.6%. Separation along PC1 indicated that non-conventional fermentation was the main factor differentiating the metabolite profiles of R and TR samples. The effect of treatment duration was more limited and was mainly observed within the R group, as shown by the separation of H14R and H35R along PC2. PLS-DA supported the separation pattern, with Component 1 and Component 2 explaining 45% and 18.5% of the variation, respectively. Based on VIP scores, 21 metabolites had VIP values greater than 1, including mycolipanoic acid, 1-linoleoylglycerol, hyenic acid, arenediol, D-phenylalanine, fisetin, vanillin, nicotine, coumarin, and stigmasterol. Heatmap and volcano plot analyses showed that metabolite changes were selective and involved phenolic compounds, benzenoids, alkaloids, organic acids, and several lipids. PICRUSt2 analysis showed an increase in the nicotine degradation III pathway, which may be related to the decrease in relative nicotine abundance. Overall, non-conventional fermentation had a stronger influence on the metabolite profile of Product “AG” than treatment duration alone.

Keywords: Non-conventional fermentation, LC-HRMS, untargeted metabolomics, 16S rRNA gene metabarcoding, PICRUSt2