



ANALISIS METABARKODING PADA BAKTERI PENYUSUN KONSORSIUM MIKROALGA-BAKTERI DALAM ISOLAT GLAGAH MENGGUNAKAN METODE *NEXT GENERATION SEQUENCING (NGS)*

Oleh :

Ahmad Ardi
14/368284/BI/09346

INTISARI

Isolat Glagah merupakan konsorsium lokal yang diisolasi dari Pantai Glagah, Yogyakarta. Keuntungan dari isolat ini adalah biomassa yang lebih tinggi dibandingkan dengan kultur murni. Tingginya biomassa ini dimungkinkan karena adanya simbiosis saling menguntungkan antara mikroalga dan bakteri. Beberapa jenis bakteri diketahui mampu menghasilkan nutrisi esensial untuk pertumbuhan mikroalga. Adapun jenis bakteri dalam kultur konsorsium isolat Glagah belum sepenuhnya teridentifikasi, karena penggunaan metode identifikasi konvensional yang memiliki batasan identifikasi bakteri pada jenis bakteri yang dapat dikulturkan. Alternatif yang dapat dilakukan untuk mengatasi metode sebelumnya, yaitu identifikasi secara molekuler. Analisis metabarkoding memungkinkan pengidentifikasian seluruh organisme di dalam sampel isolat Glagah. *Next Generation Sequencing (NGS)* merupakan salah satu metode sekuensing yang mampu menghasilkan hasil sekuens dalam jumlah banyak dalam waktu lebih singkat. Digunakan dua kelompok sampel isolat Glagah dalam penelitian ini, yaitu isolat dengan pemberian antibiotik *Vancomycin* (A) dan tanpa pemberian antibiotik *Vancomycin* (T). Pemberian antibiotik diharapkan akan membunuh seluruh bakteri yang terdapat dalam kultur konsorsium isolat Glagah. Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengetahui keberadaan bakteri dalam kultur konsorsium isolat Glagah berdasarkan sekuens gen sub-unit kecil ribosom *16S rRNA*, meliputi jenis bakteri yang memiliki kelimpahan relatif tertinggi di setiap fase pertumbuhan mikroalga. Analisis data menggunakan *pipeline Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME2)* yang dapat diakses melalui terminal Linux. Ditemukan 16 filum bakteri yang terdapat dalam kultur konsorsium isolat Glagah yang didominasi oleh anggota Filum *Proteobacteria*. Filum *Proteobacteria* memiliki kelimpahan relatif tertinggi di setiap fase pertumbuhan mikroalga pada sampel T dan sampel A. Perubahan kelimpahan relatif bakteri pada tiap fase pertumbuhan mikroalga menunjukkan bahwa komunitas bakteri bersifat dinamis tergantung pada kondisi lingkungannya yang dalam hal ini dipengaruhi oleh pertumbuhan mikroalga.

Kata kunci: Bakteri isolat Glagah, Kultur konsorsium, Metabarkoding, *Next Generation Sequencing (NGS)*, *QIIME2*



METABARCODING ANALYSIS IN THE BACTERIA OF THE MICROALGAE-BACTERIAL CONSORTIUM IN GLAGAH ISOLATE USING NEXT GENERATION SEQUENCING (NGS)

By :

Ahmad Ardi
14/368284/BI/09346

ABSTRACT

Glagah isolate is a local consortium isolated from Glagah Beach, Yogyakarta. The advantages of the isolate that it has higher biomass than a single culture. The symbiosis between microalgae and bacteria caused the higher biomass of Glagah isolate. Several bacteria have known can produce essential nutrient for microalgae growth. The bacteria species in Glagah isolate has not been fully identified, because of the limitedness of conventional method that can only identify culturable bacteria. An alternative to overcome the limitedness of the conventional method is to identify bacteria based on molecular component. Metabarcoding gives the possibility to identify all the organisms in Glagah isolate. Next Generation Sequencing (NGS) is a sequencing method that can yield a high number of sequences in a short time. Two kinds of Glagah isolate were being used in this research, they isolated that was given *Vancomycin* antibiotic (A) and without *Vancomycin* antibiotic (T). Giving the antibiotic into Glagah isolate was expected to remove all bacteria that living in the consortium culture of Glagah isolate. The objectives of this research were to know the existence of bacteria in Glagah isolate based on 16S rRNA gene of small ribosomal sub-unit, involve bacteria species that has highest relative abundance in each growth phase of microalgae. The data analysis by using Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME2) pipeline that can be accessed through Linux terminal. There were 16 phyla of bacteria that were identified in the consortium culture of Glagah isolate. Generally, Phylum *Proteobacteria* had the highest relative abundance than other phyla. Phylum *Proteobacteria* was dominated at each phase of microalgae growth on sample T and sample A. The changing of relative abundance at each phase of microalgae growth imply that bacteria community had dynamic condition depend to environmental condition, in this case, was microalgae growth.

Keywords : Bacteria of Glagah isolate, Consortium culture, Metabarcoding, Next Generation Sequencing (NGS), QIIME2