

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

Oleh :

Andi Alfi Syahrin
14/366922/BI/9319

INTISARI

Mikroalga adalah mikroorganisme fotosintetik primer yang bersel satu, dapat ditemukan di mana-mana, baik dalam jenis prokariotik maupun eukariotik. Dalam budidaya mikroalga terdapat beberapa isolat yang dapat digunakan, salah satunya berupa isolat Glagah yang berasal dari Yogyakarta akan digunakan pada penelitian ini. Tingginya laju pertumbuhan yang menyebabkan melimpahnya biomassa dimungkinkan adanya simbiosis saling menguntungkan antara mikroalga dengan mikroorganisme lain. Dalam penelitian-penelitian metabarkoding banyak menggunakan metode *Next Generation Sequencing (NGS)* untuk mendapatkan dinamika populasi mikroalga dalam waktu yang lebih singkat dan jumlah yang banyak. Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengetahui jenis mikroalga dalam kultur Isolat Glagah, meliputi dinamika populasi mikroalga, serta jenis mikroalga yang secara konsisten terdapat dalam setiap fase pertumbuhan. Analisis data menggunakan *pipeline QIIME2* yang dapat diakses melalui terminal Linux. Ditemukan 8 kelompok mikroalga yang terdapat dalam kultur konsorsium Isolat Glagah yang didominasi oleh anggota Kelompok Archaeplastida. Kelompok Archaeplastida memiliki kelimpahan relatif paling tinggi di setiap fase pertumbuhan pada sampel dengan perlakuan antibiotik maupun perlakuan tanpa antibiotik.

Kata kunci: *Metabarkoding, Next Generation Sequencing, Isolat Glagah, QIIME2*

**ANALYSIS OF MICROALGA METABARCODING IN GLAGAH
ISOLATE MICROALGA-BACTERIAL CONSORTIUM USING NEXT
GENERATION SEQUENCING (NGS) METHOD**

By:

Andi Alfi Syahrin
14/366922/BI/09319

ABSTRACT

Microalgae are single-celled photosynthetic microorganisms, which can be found everywhere, both in prokaryotic and eukaryotic types. In microalgae cultivation there are several isolates that can be used, one of which is Glagah isolates from Yogyakarta which will be used in this study. The high growth rate that causes abundance of biomass is possible because of the mutual symbiosis between microalgae and other microorganisms. In metabarkoding studies many use the Next Generation Sequencing (NGS) method to obtain microalgae population dynamics in a shorter time and in greater numbers. The purpose of this study is to determine the type of microalga in Glagah Isolate culture, including microalga population dynamics, as well as types of microalgae that are consistently present in each phase of growth. Data analysis uses the QIIME2 pipeline that can be accessed via the Linux terminal. Eight groups of microalgae were found in the Isolate Glagah consortium culture which was dominated by members of the Archaeplastida Group. The Archaeplastida group has the highest relative abundance in each growth phase in the sample with antibiotic treatment and without antibiotics.

Keywords: *Metabarcoding*, *Next Generation Sequencing*, Glagah isolate, QIIME2