

ANALISIS METAGENOM 16S DALAM SELEKSI INOKULUM UNTUK PROSES PRODUKSI BIOGAS DARI *VINASSE*

Fera Aulia
18/435046/PMU/09557

INTISARI

Limbah industri bioetanol atau *vinasse* berpotensi sebagai bahan baku pembuatan biogas karena memiliki kandungan material organik yang tinggi. Pengolahan *vinasse* menjadi biogas masih belum optimal baik dari segi waktu maupun jumlah gas yang dihasilkan. Berlandaskan hal tersebut, dilakukan upaya produksi biogas dengan memanfaatkan peran mikroba dari tiga sumber inokulum berbeda. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi struktur komunitas mikroba dalam proses produksi biogas dari sumber inokulum yang berbeda dan mengevaluasi keterkaitan dinamika komunitas mikroba terhadap produksi biogas.

Sumber inokulum yang digunakan dalam penelitian ini diambil dari tiga sumber berbeda yaitu: kotoran sapi segar, *digested cow manure*, dan lumpur *Palm Oil Mill Effluent* (POME). *Vinasse* diolah menjadi biogas pada kondisi anaerobik termofilik dalam reaktor yang dioperasikan secara kontinu. Sampel untuk analisis diambil dari setiap tahapan proses yaitu pada awal proses, tahap *batch*, tahap kontinu, dan tahap akhir. Identifikasi mikroba secara molekuler dilakukan dengan analisis metagenom 16S rRNA menggunakan *Next Generation Sequencing* (NGS). Pada penelitian ini digunakan target penanda berupa 16S rRNA *region* V3-V4 untuk mengetahui struktur komunitas, diversitas, dan dinamika populasi mikroba dalam reaktor.

Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa setelah melalui proses peruraian anaerobik *vinasse* secara termofilik, sumber inokulum yang berbeda memiliki struktur komunitas mikroba yang hampir sama namun distribusi populasinya berbeda. Selama proses peruraian anaerobik termofilik, distribusi populasi mikroba pada setiap reaktor cenderung berubah menuju struktur komunitas mikroba tertentu. Selain itu, hasil penelitian menunjukkan adanya keterkaitan dinamika komunitas mikroba pada proses produksi biogas dari *vinasse*, yaitu semakin tinggi diversitas komunitas mikroba metanogen dari inokulum maka semakin tinggi biogas yang dihasilkan.

Kata kunci: *vinasse*, biogas, metagenom, termofilik, *next generation sequencing*

16S METAGENOMIC ANALYSIS IN INOCULUM SELECTION FOR BIOGAS PRODUCTION FROM VINASSE

Fera Aulia
18/435046/PMU/09557

ABSTRACT

Vinasse is a potential substrate for biogas production through anaerobic digestion process because of its high organic content. However, the process to convert vinasse to biogas is still not optimum in terms of time and the volume of the produced gas. To increase the production rate, running the process by utilizing the role of microbes from three different inoculum sources in thermophilic condition is a potential method. This study aims to identify the structure of microbial community in the biogas production process from three different inoculums, and the relationship between the dynamics of microbial community on biogas production from vinasse.

The three inoculums that were compared in this study were fresh cow dung, digested cow manure, and sludge taken from bioreactor that was used to treat Palm Oil Mill Effluent (POME). Molecular microbial identification was carried out by metagenome analysis of 16S rRNA using Next Generation Sequencing (NGS). Molecular microbial identification was carried out by metagenome analysis of 16S rRNA using Next Generation Sequencing (NGS).

Results indicated that after a thermophilic anaerobic digestion process of vinasse, the different sources of inoculum have almost the same microbial community structure but different population distribution. During the biogas production process, the distribution of the microbial population in each reactor tends to change towards a particular microbial community. In addition, the results showed a relationship between the dynamics of the microbial community in the biogas production of vinasse, the results show that the higher the diversity of the methanogenic microbial community from the inoculum, the higher the biogas produced.

Keywords: vinasse, biogas, metagenomic analysis, thermophilic, next generation sequencing