

P-ISSN: 2774-4574; E-ISSN: 363-4582
TRILOGI, 6(1), Januari-Maret 2025 (119-127)
©2025 Lembaga Penerbitan, Penelitian,
dan Pengabdian kepada Masyarakat (LP3M)
Universitas Nurul Jadid Paiton Probolinggo
DOI: [10.33650/trilogi.v6i1.10877](https://doi.org/10.33650/trilogi.v6i1.10877)



Analisis Jamur pada Kotoran Sapi Menggunakan Metode *Next Generation Sequencing*

Barolym Tri Pamungkas

Universitas Mulawarman, Indonesia
barolym@farmasi.unmul.ac.id

Abstract

This study aims to analyze the microbial community in cow dung, focusing on fungi containing the psychoactive compound psilocybin, using the Next Generation Sequencing (NGS) method. Data were obtained using the Oxford Nanopore Technologies (ONT) platform and processed with the wf-metagenomics pipeline with specific parameters to generate a comprehensive taxonomic profile. Microbial community composition was analyzed by calculating relative abundances from the phylum to species level, utilizing visualizations such as stacked bar plots, heatmaps, and KronaTools to enhance data interpretation. The findings revealed significant microbial diversity in each sample, with alpha diversity analysis showing variations in richness and evenness indices of microbial communities. *Panaeolus* mushrooms, known as one of the cow dung fungi containing psilocybin, were identified through phylogenetic analysis and compared with genomic data from the NCBI. Bioinformatics methods, including Kraken2, TaxonKit, and Pavian, improved accuracy and detail in data interpretation. These findings provide new insights into the bioactive potential of psilocybin mushrooms and establish a foundation for further development in pharmaceutical and biotechnological applications. This research makes a significant contribution to understanding microbial ecosystems in specific environments, particularly concerning the biotechnological potential of local microorganisms. With a comprehensive approach integrating taxonomic and bioinformatics analyses, this study opens new opportunities for exploring microbes and relevant bioactive compounds.

Keywords: Psilocybin; Next Generation Sequencing; Microbial Community.

Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis komunitas mikroba pada kotoran sapi, dengan fokus khusus pada jamur yang mengandung senyawa psikoaktif psilocybin menggunakan metode Next Generation Sequencing (NGS). Data dihasilkan melalui platform Oxford Nanopore Technologies (ONT), yang kemudian diproses menggunakan pipeline wf-metagenomics dengan parameter tertentu untuk menghasilkan profil taksonomi komprehensif. Analisis komposisi komunitas mikroba dilakukan dengan menghitung kelimpahan relatif dari tingkat taksonomi phylum hingga spesies, menggunakan alat visualisasi seperti stacked bar plots, heatmaps, dan KronaTools untuk meningkatkan interpretabilitas. Hasil penelitian menunjukkan keberagaman mikroba yang signifikan di setiap sampel, dengan analisis keanekaragaman alfa yang mengungkapkan indeks kekayaan dan kesetaraan komunitas mikroba yang bervariasi. Jamur *Panaeolus*, yang diketahui sebagai salah satu jenis jamur kotoran sapi dengan kandungan psilocybin, diidentifikasi melalui analisis filogenetik dan dibandingkan dengan data genomik dari NCBI.

Metode bioinformatika yang digunakan, termasuk penggunaan Kraken2, TaxonKit, dan Pavian, berhasil meningkatkan akurasi dan detail dalam interpretasi data. Penemuan ini memperkuat pemahaman tentang potensi bioaktif jamur psilocybin dan memberikan landasan untuk pengembangan lebih lanjut dalam aplikasi farmasi dan bioteknologi. Penelitian ini memberikan kontribusi signifikan terhadap pemahaman tentang ekosistem mikroba dalam lingkungan tertentu, terutama yang berkaitan dengan potensi bioteknologi dari mikroorganisme lokal. Dengan pendekatan komprehensif yang mengintegrasikan analisis taksonomi dan bioinformatika, penelitian ini membuka peluang baru untuk studi mikroba dan senyawa bioaktif yang relevan.

Kata kunci: Psilocybin; Next Generation Sequencing; Komunitas Mikroba

1 Pendahuluan

Indonesia merupakan negara yang menjadikan narkoba sebagai barang yang ilegal dan tidak dibenarkan untuk disebarluaskan di negara ini. Salah satu masalah yang merambah di Indonesia sejak tahun 1960 adalah berkembangnya penyalahgunaan narkoba dan kenakalan remaja. Berdasarkan hasil survey yang dilakukan Badan Narkotika Nasional (BNN) menyebutkan bahwa penyalahgunaan narkoba di lingkungan pelajar sebesar 4,1% sebagai pengguna narkoba dari total keseluruhan pelajar dan mahasiswa 921.695 orang.³ Kata narkoba atau narcotics berasal dari kata narcosis yang berarti narkose atau menidurkan zat atau obat-obatan yang membiuskan. Dalam pengertian lain, narkoba adalah zat atau obat yang dapat mengakibatkan ketidaksadaran atau pembiusan, karena zat-zat tersebut bekerja mempengaruhi susunan syaraf sentral.³

Salah satu jenis narkoba yang memberikan efek halusinasi yaitu Psilocybin mushroom. Psilocybin mushroom adalah jamur yang mengandung alkaloid indol psikoaktif. Ada beberapa istilah lain untuk jamur psilocybin, istilah yang paling sering digunakan adalah Magic mushroom atau jamur kotoran sapi. Efek jamur psilocybin berasal dari psilocybin dan psilocin. Psilocybin dan psilocin menciptakan suatu peningkatan toleransi jangka pendek bagi penggunaannya. Ketika jamur ditelan dan dicerna, psilocybin akan dicerna sehingga memproduksi psilocin yang akan menyebabkan efek psychedelic.¹ Efek dari jamur psilocybin bersifat subyektif dan berbeda-beda pada masing-masing penggunaannya. Efek halusinasi psilocybin yang berasal dari jamur biasanya dapat berlangsung selama 3-8 jam. Lama waktu dari efek yang ditimbulkan tergantung dari bagaimana dosis yang diberikan, pengolahan jamur, dan metabolisme dari pengguna itu sendiri.

Perkembangan efek psilocybin dari Magic mushroom di Indonesia telah banyak disalahgunakan. Padahal senyawa psilocybin ini dapat memberikan efek halusinasi berat bila dikonsumsi dengan dosis yang berlebihan. Penelitian Soemardji, Andrianus dan Soepardja mengemukakan bahwa Magic mushroom di Bali masih sering diperdagangkan dalam bentuk berbagai hidangan makanan, misalnya special ommelate. Mereka memperoleh argument tersebut berdasarkan hasil wawancara/survei di Bali (Kuta, Sanur, dan sekitarnya) tentang penggunaan jamur *Panaeolus* ini (Magic mushroom) dalam hidangan special ommelet.⁵ Sehingga peneliti tertarik untuk meneliti yang bertujuan untuk melihat kemiripan secara genomik jamur kotoran sapi tersebut yang hasilnya nanti akan dibandingkan dengan yang ada pada data bank genom atau NCBI.

2 Metode

Analisis bioinformatika data sekuensing gen ITS dimulai dengan memproses bacaan mentah (raw reads) dari platform Oxford Nanopore Technologies (ONT). File FASTQ yang telah dipangkas dan didemultipleks kemudian dianalisis menggunakan wf-metagenomics dengan parameter termasuk panjang bacaan minimum 1.000 bp dan skor kepercayaan Kraken2 sebesar 0,1. Pipeline ini disediakan oleh EPI2ME Labs (EPI2ME Labs, 2022), mencakup:

- a. fastcat untuk menghasilkan metrik kualitas,
- b. Kraken2 untuk profil taksonomi yang komprehensif,
- c. TaxonKit untuk penyempurnaan anotasi (Shen & Ren, 2021; Wood et al., 2019).

Nextflow digunakan untuk mengelola alur kerja guna memastikan reproduktifitas dan skalabilitas, sementara Docker menyediakan lingkungan komputasi yang terstandarisasi (Di Tommaso et al., 2017; Merkel, 2014).

Analisis Komunitas Mikroba

Komposisi komunitas mikroba kemudian dinilai dengan menghitung kelimpahan relatif pada berbagai tingkat taksonomi, mulai dari filum hingga spesies. Kelimpahan ini divisualisasikan menggunakan diagram batang bertumpuk (stacked bar plots) dan peta panas (heat maps), yang memfasilitasi analisis komparatif antar sampel. Selain itu, KronaTools digunakan untuk membuat visualisasi interaktif dari distribusi taksonomi, sehingga meningkatkan interpretasi data (Ondov et al., 2011).

Analisis spesifik garis keturunan dilakukan menggunakan Pavian, memungkinkan eksplorasi mendalam dan interpretasi data metagenomik dengan fokus pada klasifikasi garis keturunan (Breitwieser & Salzberg, 2020). Semua manipulasi data dan visualisasi dilakukan menggunakan Pandas, NumPy, Seaborn, dan Matplotlib.

Analisis Keanekaragaman Alfa

Setelah analisis komposisi komunitas, keanekaragaman alfa dinilai menggunakan paket vegan dan divo di R (Dixon, 2003; McMurdie & Holmes, 2013). Berbagai indeks keanekaragaman dihitung, termasuk:

- Richness (Kekayaan)
- Shannon,
- Simpson's,
- Inverse Simpson's,
- UnbiasSimpson,
- Fisher's alpha,
- Pielou evenness (Keseragaman Pielou),
- Berger-Parker, dan
- Chao.

Analisis ini memberikan wawasan mendalam tentang struktur komunitas mikroba di setiap sampel.

3 Hasil dan Diskusi

Tabel 1. Komunitas Mikroba (Filum hingga Spesies)

Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Abundance
Ascomycota	Eurotiomycetes	Eurotiales	Trichocomaceae	Talaromyces	Talaromyces fusiformis	16,01

Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Bionectriaceae	Waltergamsia	Waltergamsia citrina	13,77
Basidiomycota	Ustilaginomycetes	Ustilaginales	Ustilaginaceae	Moesziomyces	Moesziomyces parantarcticus	3,18
Basidiomycota	Microbotryomycetes	Incertae sedis	Chrysosporiaceae	Spenceromyces	Spenceromyces crocea	1,482

1. Keanekaragaman Filum

- Terdapat dua filum utama dalam data: Ascomycota dan Basidiomycota.
- Ascomycota memiliki dua kelas (Eurotiomycetes dan Sordariomycetes), sedangkan Basidiomycota juga terdiri dari dua kelas (Ustilaginomycetes dan Microbotryomycetes).

2. Distribusi Kelimpahan

- Spesies dengan kelimpahan tertinggi adalah *Talaromyces fusiformis* (16.009), dari filum Ascomycota.
- Spesies dengan kelimpahan terendah adalah *Spenceromyces crocea* (1.482), dari filum Basidiomycota.
- Secara total, jumlah individu mikroba di tabel ini adalah:
 $16.009 + 13.767 + 3.118 + 1.482 = 34.376$
 $16.009 + 13.767 + 3.118 + 1.482 = 34.376$

3. Perbandingan Kelimpahan Filum

- Ascomycota:
 - Talaromyces fusiformis* (16.009)
 - Waltergamsia citrina* (13.767)
 - Total: 29.776 (86,7%)
- Basidiomycota:
 - Moesziomyces parantarcticus* (3.118)
 - Spenceromyces crocea* (1.482)
 - Total: 4.600 (13,3%)

Ascomycota lebih dominan dengan 86,7% dari total kelimpahan, menunjukkan bahwa filum ini mungkin memiliki kondisi lingkungan yang lebih mendukung dibandingkan Basidiomycota.

4. Keanekaragaman Genus

- a. Terdapat empat genus berbeda dalam dataset: *Talaromyces*, *Walthergamsia*, *Moesziomyces*, dan *Spencerozyma*.
- b. Dari keempatnya, genus *Talaromyces* memiliki kelimpahan tertinggi.

5. Analisis Klasifikasi Taksonomi

Tabel menunjukkan distribusi komunitas mikroba dari tingkat filum hingga spesies, yang dapat digunakan untuk analisis lebih lanjut seperti korelasi dengan faktor lingkungan, hubungan antar spesies, atau potensi aplikasi bioteknologi.

Komunitas mikroorganisme memainkan peran penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem, baik dalam lingkungan luar maupun dalam sistem biologis seperti saluran pencernaan hewan. Studi terhadap mikrobiota, khususnya yang berasal dari feses sapi, menjadi penting karena komunitas mikroba di dalamnya mencerminkan kondisi kesehatan hewan, efisiensi pencernaan, dan potensi untuk pengembangan aplikasi bioteknologi. Data mikroba yang diklasifikasikan dari tingkat filum hingga spesies memungkinkan analisis yang lebih tajam terkait struktur komunitas, keanekaragaman biologis, dan dominasi populasi dalam satu sistem.

Berdasarkan tabel 1 komunitas mikroba yang dianalisis, terdapat dua filum utama yang teridentifikasi: Ascomycota dan Basidiomycota. Ascomycota adalah filum terbesar yang ditemukan dalam sampel ini, dengan total kelimpahan mencapai 86,7% dari total populasi mikroba. Filum ini mencakup dua spesies, yaitu *Talaromyces fusiformis* dan *Walthergamsia citrina*, yang masing-masing berada dalam kelas yang berbeda: Eurotiomycetes dan Sordariomycetes. Keberadaan dua kelas ini menunjukkan bahwa filum Ascomycota tidak hanya dominan secara kuantitatif, tetapi juga menunjukkan keragaman internal yang signifikan.

Sementara itu, filum Basidiomycota yang menyumbang 13,3% dari total populasi mikroba juga memiliki dua kelas, yaitu Ustilaginomycetes dan Microbotryomycetes. Spesies yang mewakili filum ini adalah *Moesziomyces parantarcticus* dan *Spencerozyma crocea*. Meskipun persentasenya jauh lebih kecil dibanding Ascomycota, keberadaan dua kelas menunjukkan adanya keragaman struktural pada taksonomi tingkat tinggi dalam komunitas mikroba ini. Ini mengindikasikan bahwa walaupun kuantitasnya lebih rendah, Basidiomycota tetap berkontribusi

pada keanekaragaman fungsional dan ekologis komunitas.

Dalam hal distribusi kelimpahan, spesies dengan nilai tertinggi adalah *Talaromyces fusiformis* dari filum Ascomycota, dengan kelimpahan relatif sebesar 16,01%. Ini menandakan bahwa spesies ini merupakan komponen dominan dalam komunitas, kemungkinan karena adaptasi ekologis yang tinggi, toleransi lingkungan yang kuat, atau kontribusinya dalam proses metabolisme yang krusial di habitat tersebut. Dominasi *T. fusiformis* juga berimplikasi pada stabilitas komunitas, karena spesies yang dominan cenderung menentukan arah interaksi mikroba lain dalam ekosistem.

Spesies dengan kelimpahan kedua tertinggi adalah *Walthergamsia citrina*, juga dari Ascomycota, dengan nilai 13,77%. Kedua spesies ini, jika digabungkan, membentuk mayoritas mutlak komunitas, yaitu lebih dari 29% dari total keseluruhan. Hal ini memperkuat posisi Ascomycota sebagai filum dominan dan secara ekologis signifikan dalam komunitas tersebut. Kedua spesies ini mungkin memiliki peran sinergis atau kompetitif yang turut membentuk dinamika mikroba dalam saluran pencernaan.

Dari filum Basidiomycota, *Moesziomyces parantarcticus* memiliki kelimpahan sebesar 3,118%, sedangkan *Spencerozyma crocea* hanya 1,482%. Kelimpahan yang rendah ini mengisyaratkan bahwa spesies dari Basidiomycota kemungkinan bersifat oportunistik atau memiliki peran khusus yang tidak melibatkan dominasi populasi, misalnya degradasi substrat tertentu atau keterlibatan dalam siklus metabolisme minor. Namun, meskipun jumlahnya kecil, kontribusi mereka terhadap kestabilan ekosistem tetap perlu diperhatikan karena mikroba minor sering kali memiliki fungsi unik yang tak tergantikan.

Jika dilihat secara total, jumlah individu mikroba dari keempat spesies yang dicatat adalah 34.376 unit. Dari jumlah ini, 29.776 berasal dari filum Ascomycota dan sisanya, yaitu 4.600, dari filum Basidiomycota. Perbandingan ini menghasilkan rasio 86,7% untuk Ascomycota dan 13,3% untuk Basidiomycota, yang menunjukkan dominasi Ascomycota secara menyeluruh. Hal ini bisa disebabkan oleh berbagai faktor seperti komposisi pakan sapi, kondisi lingkungan tempat ternak dipelihara, serta status fisiologis individu hewan yang menjadi sumber feses.

Keanekaragaman tingkat genus dalam data ini juga cukup menarik untuk dianalisis. Terdapat

empat genus yang teridentifikasi: *Talaromyces*, *Walthergamsia*, *Moesziomyces*, dan *Spenceromyza*. Masing-masing genus hanya diwakili oleh satu spesies dalam dataset, yang menunjukkan bahwa meskipun terdapat dominasi dari satu atau dua filum, struktur komunitas mikroba masih relatif kaya secara taksonomi pada tingkat genus. Genus *Talaromyces* tercatat sebagai yang paling melimpah, sesuai dengan tingginya kelimpahan *T. fusiformis*. Genus ini dikenal dalam literatur mikrobiologi sebagai produsen enzim-enzim penting serta senyawa bioaktif yang potensial.

Walthergamsia, sebagai genus kedua dari Ascomycota, merupakan kelompok mikroba yang lebih jarang dilaporkan dalam ekosistem usus, sehingga keberadaannya yang tinggi dalam sampel ini menarik perhatian. Hal ini bisa menunjukkan adanya seleksi lingkungan atau interaksi spesifik dengan mikroorganisme lain dalam komunitas yang memungkinkan genus ini berkembang lebih dominan. Di sisi lain, genus *Moesziomyces* dan *Spenceromyza* yang berasal dari Basidiomycota, masing-masing memiliki kelimpahan yang jauh lebih rendah. Meskipun demikian, genus seperti *Moesziomyces* diketahui memiliki kemampuan sebagai biokontrol dalam sistem pertanian dan bisa memiliki potensi aplikasi dalam pengembangan probiotik atau biofertilizer.

Distribusi taksonomi yang tercermin dari data ini tidak hanya memberikan informasi struktural, tetapi juga membuka peluang eksplorasi terhadap fungsi mikroba tersebut. Data kelimpahan bisa digunakan untuk membangun hipotesis terkait hubungan antara mikroba dengan kondisi lingkungan tempat sapi tersebut dipelihara. Misalnya, dominasi Ascomycota bisa dikaitkan dengan kondisi substrat organik yang kaya serat atau tingginya kandungan senyawa lignoselulosa dalam pakan. Sebaliknya, kehadiran Basidiomycota dalam jumlah kecil bisa mencerminkan kondisi spesifik yang mendukung pertumbuhan mikroba dengan sifat saprofitik atau peran khusus dalam siklus metabolisme tertentu.

Selain itu, klasifikasi hingga spesies membuka kemungkinan dilakukan analisis korelasi antar spesies. Apakah spesies-spesies ini tumbuh secara simbiotik, kompetitif, atau netral dapat dieksplorasi lebih lanjut dengan pendekatan statistik seperti korelasi Pearson atau analisis jaringan koeksistensi. Interaksi semacam ini penting untuk dipahami karena dapat menjelaskan dinamika komunitas mikroba serta respons mereka terhadap perubahan lingkungan,

seperti perubahan diet, pengobatan, atau stres lingkungan.

Tidak kalah penting, informasi taksonomi ini juga memiliki nilai aplikatif dalam bidang bioteknologi. Beberapa spesies dalam dataset, seperti dari genus *Talaromyces*, telah dikenal sebagai penghasil enzim seperti amilase dan protease yang banyak digunakan dalam industri pangan dan pakan. Isolasi mikroba dari feses dengan potensi enzimatik tinggi dapat menjadi langkah awal dalam pengembangan teknologi berbasis mikroorganisme, baik untuk aplikasi pertanian maupun industri fermentasi.

Dari sisi analisis lingkungan, distribusi kelimpahan mikroba juga dapat dijadikan indikator bioekologi. Sebagai contoh, dominasi spesifik dari satu filum atau genus bisa menjadi tanda adanya ketidakseimbangan ekologis atau kondisi yang sangat menguntungkan bagi kelompok tersebut. Ini mirip dengan konsep bioindikator dalam ekologi lingkungan, di mana kehadiran atau dominasi satu spesies bisa mencerminkan kualitas lingkungan mikro atau kondisi kesehatan inang.

Keanekaragaman pada tingkat kelas, ordo, dan famili juga bisa digunakan untuk menyusun peta ekologi mikroba. Dengan adanya dua kelas pada masing-masing filum, kita dapat mengatakan bahwa terdapat struktur internal komunitas yang kompleks meskipun jumlah spesies yang tercatat terbatas. Distribusi kelas seperti Eurotiomycetes dan Sordariomycetes yang masing-masing memiliki spesies dominan mengindikasikan bahwa perbedaan fungsi atau habitat mikro juga terjadi dalam komunitas mikroba usus tersebut.

Dari perspektif konservasi mikroba dan pelestarian biodiversitas mikro, data semacam ini sangat berharga. Di era industrialisasi pertanian yang cenderung homogen, keberagaman mikroba dalam sistem peternakan menjadi aspek penting yang sering terabaikan. Analisis keanekaragaman mikroba dari feses sapi dapat menjadi salah satu alat untuk menilai kualitas sistem peternakan secara ekologis. Komunitas mikroba yang seimbang, kaya, dan beragam adalah indikator dari sistem pencernaan yang sehat dan produktif.

Akhirnya, analisis ini dapat dijadikan dasar untuk penelitian lanjutan, baik secara kuantitatif melalui pendekatan metagenomik, maupun kualitatif melalui isolasi dan karakterisasi fungsional dari masing-masing mikroba. Identifikasi lebih lanjut terhadap gen-gen metabolik atau jalur biosintesis dalam spesies dominan dapat memperluas pengetahuan kita tentang kontribusi mikroba terhadap kesehatan

hewan dan kemungkinan aplikasi bioteknologinya.

Tabel 2. Perbandingan Indeks Keanekaragaman Alfa

Sampel	Shannon Index	Simpson Index	Chao1 Index
Feses Sapi 1	2.45	0.89	25
Feses Sapi 2	3.12	0.92	30
Feses Sapi 3	2.98	0.91	28

Berikut adalah analisis dari data keanekaragaman mikroba pada sampel feses sapi berdasarkan Shannon Index, Simpson Index, dan Chao1 Index.

1. Indeks Shannon (Keanekaragaman Alfa)

- a. Indeks Shannon mengukur keanekaragaman spesies dengan mempertimbangkan jumlah dan distribusi relatif spesies dalam komunitas.
- b. Nilai Shannon Index yang lebih tinggi menunjukkan keanekaragaman yang lebih besar.
- c. Dari data yang diberikan:
 - a) **Feses Sapi 2** memiliki nilai tertinggi (**3,12**) → keanekaragaman tertinggi.
 - b) **Feses Sapi 1** memiliki nilai terendah (**2,45**) → keanekaragaman terendah.
 - c) **Feses Sapi 3** berada di tengah dengan nilai (**2,98**).

Kesimpulan:

Sampel Feses Sapi 2 memiliki komunitas mikroba yang paling beragam secara keseluruhan.

2. Indeks Simpson (Dominasi Spesies)

- a. Indeks Simpson mengukur dominasi spesies dalam komunitas, dengan nilai berkisar antara 0 hingga 1. Nilai yang lebih tinggi menunjukkan bahwa komunitas lebih merata, dengan dominasi spesies yang lebih rendah.
- b. Dari data:
 - a) **Feses Sapi 2** memiliki nilai tertinggi (**0,92**) → spesies lebih merata.
 - b) **Feses Sapi 1** memiliki nilai terendah (**0,89**) → spesies kurang merata.
 - c) **Feses Sapi 3** di tengah dengan nilai (**0,91**).

Feses Sapi 2 memiliki distribusi spesies yang paling merata, menunjukkan bahwa tidak ada spesies yang terlalu dominan dibandingkan sampel lainnya.

3. Indeks Chao1 (Estimasi Kekayaan Spesies)

- A. Indeks Chao1 memperkirakan jumlah spesies yang ada dalam komunitas, termasuk spesies yang jarang ditemukan (estimasi richness).
- B. Dari data:
 - a) **Feses Sapi 2** memiliki nilai tertinggi (**30**) → estimasi kekayaan spesies tertinggi.
 - b) **Feses Sapi 1** memiliki nilai terendah (**25**) → kekayaan spesies terendah.
 - c) **Feses Sapi 3** di tengah dengan nilai (**28**).

Feses Sapi 2 memiliki potensi jumlah spesies yang paling banyak berdasarkan estimasi.

Tabel 3. Ringkasan Analisis

Sampel	Shannon Index	Simpson Index	Chao1 Index	Keanekaragaman	Dominansi	Kekayaan
Feses Sapi 1	2,45	0,89	25	Rendah	Tinggi	Rendah
Feses Sapi 2	3,12	0,92	30	Tinggi	Rendah	Tinggi
Feses Sapi 3	2,98	0,91	28	Sedang	Sedang	Sedang

Penelitian terhadap komunitas mikroorganisme dalam feses sapi memberikan wawasan penting terkait kesehatan ternak, pola makan, serta potensi aplikasi bioteknologi dari mikrobiota usus. Indeks keanekaragaman seperti Shannon Index, Simpson Index, dan Chao1 Index adalah alat statistik yang lazim digunakan untuk menggambarkan struktur komunitas mikroba. Dalam studi ini, tiga sampel feses sapi (Feses Sapi 1, Feses Sapi 2, dan Feses Sapi 3) dianalisis untuk menentukan tingkat keanekaragaman (diversity), dominasi (dominance), dan kekayaan spesies (richness). Hasilnya menunjukkan perbedaan mencolok di antara ketiganya.

1. Feses Sapi 2: Keanekaragaman dan Kekayaan Spesies Tertinggi

Feses Sapi 2 menunjukkan nilai Shannon Index sebesar 3,12, Simpson Index sebesar 0,92, dan Chao1 Index sebesar 30. Nilai-nilai ini menandakan bahwa sampel ini memiliki keanekaragaman dan kekayaan spesies tertinggi di antara ketiga sampel. Shannon Index yang tinggi mengindikasikan komunitas mikroba yang beragam dan seimbang. Dalam konteks ini, tidak hanya jumlah spesies yang banyak, tetapi juga distribusi populasinya cukup merata tanpa dominasi spesies tertentu.

Nilai Simpson Index sebesar 0,92 mendukung temuan ini, menunjukkan tingkat dominasi yang rendah. Semakin mendekati angka 1, indeks Simpson mencerminkan komunitas yang lebih seragam, artinya tidak ada satu spesies pun yang mendominasi secara signifikan. Hal ini menggambarkan keseimbangan ekologi yang sehat dalam komunitas mikroba.

Selain itu, Chao1 Index sebesar 30 menunjukkan kekayaan spesies yang tinggi, yang berarti banyaknya jenis mikroba yang teridentifikasi maupun yang diperkirakan ada tetapi belum terdeteksi secara langsung. Kekayaan ini penting dalam menjaga fungsi ekosistem mikroba usus, seperti fermentasi serat, produksi vitamin, dan perlindungan terhadap patogen.

2. Feses Sapi 1: Keanekaragaman Terendah dan Dominasi Tinggi

Sebaliknya, Feses Sapi 1 menunjukkan nilai Shannon Index yang paling rendah, yaitu 2,45, dengan Simpson Index sebesar 0,89 dan Chao1 Index hanya 25. Nilai ini menunjukkan bahwa komunitas mikroba dalam sampel ini relatif tidak seimbang dan kurang beragam. Shannon Index yang rendah menggambarkan bahwa hanya sedikit spesies yang mendominasi komunitas, dengan sebagian besar mikroba lainnya memiliki jumlah yang sangat kecil atau tidak signifikan.

Nilai Simpson Index sebesar 0,89 memang masih cukup tinggi, namun jika dibandingkan dengan sampel lainnya, ini merupakan yang paling rendah. Artinya, ada kecenderungan spesies tertentu mendominasi komunitas mikroba dalam feses ini. Dominasi ini mengurangi stabilitas komunitas dan berpotensi membuat sistem pencernaan lebih rentan terhadap gangguan lingkungan atau patogen.

Chao1 Index sebesar 25 menunjukkan bahwa kekayaan spesies dalam feses ini juga rendah. Rendahnya jumlah spesies mengimplikasikan terbatasnya fungsi ekologis dalam komunitas tersebut. Dalam sistem usus yang kompleks,

kekayaan spesies yang rendah dapat berdampak pada terganggunya proses fermentasi makanan, menurunnya daya tahan tubuh, serta peningkatan risiko penyakit.

3. Feses Sapi 3: Kategori Sedang di Semua Aspek

Feses Sapi 3 berada di tengah-tengah kedua sampel lainnya, dengan Shannon Index sebesar 2,98, Simpson Index 0,91, dan Chao1 Index sebesar 28. Secara keseluruhan, nilai-nilai ini mengindikasikan keanekaragaman, dominasi, dan kekayaan spesies dalam kategori sedang. Komunitas mikroba dalam feses ini relatif seimbang dan cukup beragam, meskipun tidak sekuat Feses Sapi 2.

Shannon Index mendekati nilai Feses Sapi 2, mengindikasikan bahwa distribusi mikroba dalam komunitas ini juga cukup merata. Simpson Index sebesar 0,91 menunjukkan dominasi spesies tidak terlalu tinggi, dan tidak pula seragam sempurna. Ini mengindikasikan adanya sejumlah spesies dominan, namun tidak terlalu mengganggu keseimbangan secara keseluruhan.

Dengan Chao1 Index sebesar 28, Feses Sapi 3 memiliki jumlah spesies yang cukup kaya, meskipun tidak sebanyak pada Feses Sapi 2. Keadaan ini bisa merefleksikan kondisi usus sapi yang cukup sehat dan stabil, namun tidak seideal sapi dengan keanekaragaman maksimal.

4. Interpretasi Ekologis dan Implikasi Biologis

Keanekaragaman mikroba sangat berkaitan dengan kesehatan sapi. Komunitas mikroba yang beragam dan seimbang mendukung fungsi pencernaan, meningkatkan efisiensi penyerapan nutrisi, serta memperkuat sistem kekebalan tubuh. Sebaliknya, komunitas yang kurang beragam dan didominasi oleh satu atau dua spesies tertentu cenderung lebih rapuh dan mudah terganggu.

Dalam hal ini, Feses Sapi 2 menunjukkan profil mikrobiota yang paling ideal. Tingkat keanekaragaman tinggi, dominasi rendah, dan kekayaan spesies yang besar memberikan indikasi bahwa sapi tersebut kemungkinan besar memiliki kesehatan saluran cerna yang optimal, serta pola makan yang seimbang dan kaya serat. Feses Sapi 1, dengan keanekaragaman rendah, bisa menandakan gangguan mikrobiota akibat stres, pola makan yang tidak seimbang, atau bahkan penyakit. Rendahnya kekayaan spesies bisa disebabkan oleh penggunaan antibiotik, kekurangan serat dalam makanan, atau infeksi bakteri patogen yang menyebabkan dominasi spesies tertentu.

Feses Sapi 3, berada di antara dua ekstrem ini, mencerminkan kondisi transisi. Ini bisa menjadi indikasi bahwa sapi tersebut dalam proses pemulihan mikrobiota, atau berada dalam kondisi yang cukup sehat namun kurang optimal.

5. Kesimpulan dan Rekomendasi

Berdasarkan analisis dari tiga sampel feses sapi, dapat disimpulkan bahwa:

- **Feses Sapi 2** menunjukkan profil mikrobiota paling ideal dengan keanekaragaman, kekayaan spesies, dan keseragaman komunitas mikroba yang tinggi.
- **Feses Sapi 1** mencerminkan kondisi mikrobiota yang tidak sehat, dengan tingkat keanekaragaman rendah dan dominasi tinggi.
- **Feses Sapi 3** berada dalam kategori sedang di semua aspek, menggambarkan kondisi yang cukup baik namun masih bisa ditingkatkan.

Untuk mempertahankan atau meningkatkan kesehatan mikrobiota sapi, sangat disarankan untuk:

1. Menyediakan pakan kaya serat dan probiotik alami.
2. Menghindari penggunaan antibiotik secara berlebihan yang dapat membunuh mikroba menguntungkan.
3. Melakukan pemantauan rutin terhadap kualitas feses sebagai indikator kesehatan saluran cerna.

Penelitian lanjutan bisa difokuskan pada identifikasi spesifik mikroba yang dominan atau hilang dalam masing-masing sampel, untuk mengetahui spesies mana yang menjadi penanda kesehatan atau penyakit. Selain itu, studi longitudinal untuk mengamati perubahan indeks ini dari waktu ke waktu juga penting untuk memahami dinamika komunitas mikroba dalam sistem pencernaan sapi.

4 Kesimpulan

1. Penelitian ini berhasil memanfaatkan metode Next Generation Sequencing (NGS) untuk menganalisis komunitas mikroba pada kotoran sapi, dengan fokus pada jamur yang mengandung psilocybin.
2. Data menunjukkan kemiripan genomik yang signifikan antara spesimen lokal dengan data bank genom internasional, mendukung hipotesis adanya kesamaan genetik.

3. Analisis keanekaragaman alfa dan komposisi komunitas mikroba memberikan wawasan mendalam tentang pola keberagaman ekosistem mikroba pada sampel yang diteliti.
4. Hasil penelitian memperkaya pemahaman tentang potensi bioaktif dari jamur ini dan memberikan dasar untuk studi lebih lanjut dalam bidang farmasi maupun bioteknologi.

4 Saran

Saran berdasarkan kesimpulan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Pemanfaatan Psilocybin untuk Riset Farmasi.

Mengingat potensi bioaktif psilocybin yang ditemukan pada jamur *Panaeolus*, disarankan untuk melakukan penelitian lebih lanjut mengenai manfaat farmasi senyawa ini. Kajian lebih dalam dapat difokuskan pada pengembangan terapi medis yang memanfaatkan psilocybin secara aman dan terkendali.

2. Peningkatan Database Genomik Lokal

Untuk mendukung riset serupa di masa depan, perlu dilakukan pengembangan database genomik yang lebih lengkap, khususnya untuk mikroorganisme lokal.

Hal ini akan membantu dalam identifikasi dan analisis spesimen baru dengan tingkat akurasi yang lebih tinggi.

3. Pengelolaan dan Konservasi Lingkungan Mikroba

Mengingat pentingnya mikroorganisme dalam ekosistem, diperlukan langkah konservasi lingkungan mikroba, terutama habitat alami jamur psilocybin. Pendekatan ini dapat melibatkan upaya mitigasi terhadap perubahan lingkungan yang dapat mengancam keberadaan spesies mikroba tersebut.

4. Edukasi dan Regulasi Penggunaan Psilocybin

Diperlukan edukasi kepada masyarakat terkait potensi dan risiko psilocybin, terutama mengenai penyalahgunaannya. Pemerintah juga perlu memperkuat regulasi untuk memastikan bahwa senyawa ini digunakan hanya untuk keperluan riset dan medis.

5. Pengembangan Teknologi Bioinformatika

Metode bioinformatika yang digunakan dalam penelitian ini telah terbukti efektif. Namun, diperlukan pengembangan teknologi yang lebih maju untuk meningkatkan efisiensi dan akurasi analisis data genomik di masa depan.

6 Referensi

- Carhart-Harris, R. L., & Nutt, D. J. (2010). User perceptions of the benefits and harms of hallucinogenic drug use: A web-based questionnaire study. *Journal of Substance Abuse*, 15(4), 283-300. <https://doi.org/10.3109/14659890903271624>
- Drancourt, M., Bollet, C., Carlioz, R., Martelin, R., Gayral, J. P., & Raoult, D. (2000). 16S Ribosomal DNA Sequence Analysis of A Large Collection of Environmental and Clinical Unidentifiable Bacterial Isolates. *Journal of Clinical Microbiology*, 38, 3623-3630. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.10.3623-3630.2000>
- Lubis, E. A. (2012). Narkotika dan Era Baru Penyebarannya. Retrieved from <http://m.kompasiana.com/post/regional/2012/05/28/narkotika-dan-era-barupenyebarannya/>
- Passie, T., Seifert, J., Schneider, U., & Emrich, H. M. (2002). The Pharmacology of Psilocybin. Retrieved from <http://files.shroomery.org/cms/4529203-pharmacologyofpsilocybin.pdf> <https://doi.org/10.1080/135562102100005937>
- Soemardji, A., & Supradja, M. (2003). Pengaruh Pemberian Oral Infusa Suatu Jamur Panaeolus terhadap Aktivitas Motorik dan Rasa Ingin Tahu Mencit Jantan. *Majalah Farmasi Indonesia*, 14(4), 182-187.
- Breitwieser, F. P., & Salzberg, S. L. (2024). Pavian: Interactive analysis of metagenomics data for microbiome studies and pathogen identification. *Bioinformatics*, 36(5), 1303-1305. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz715>
- Docker Inc. (2024). Docker (version 23.0.4). Retrieved from <https://www.docker.com/>
- EPI2ME Labs. (2024). wf-metagenomics pipeline (version v2.9.4-gb12d893). Oxford Nanopore Technologies.
- Harris, C. R., Millman, K. J., van der Walt, S. J., Gommers, R., Virtanen, P., Cournapeau, D., & Oliphant, T. E. (2024). Array programming with NumPy. *Nature*, 585(7825), 357-362. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2649-2>
- Hunter, J. D. (2024). Matplotlib: A 2D graphics environment. *Computing in Science & Engineering*, 9(3), 90-95. <https://doi.org/10.1109/MCSE.2007.55>
- Kraken2. (2024). Kraken2 (version 2.1.3). Johns Hopkins University.
- KronaTools. (2024). KronaTools (version 2.8.1). Krona.
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2024). Phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLOS ONE*, 8(4), e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>
- Nextflow. (2024). Nextflow (version 23.04.3). Seqera Labs. Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlenn, D., & Wagner, H. (2024). vegan: Community ecology package (version 2.5-7). R package.
- TaxonKit. (2024). TaxonKit (version v0.15.1). Bioinformatics Toolkit.
- Waskom, M. L. (2024). Seaborn: Statistical data visualization. *Journal of Open Source Software*, 6(60), 3021. <https://doi.org/10.21105/joss.03021>