

## Isolasi dan Identifikasi Molekuler Bakteri Proteolitik dari Saluran Pencernaan Ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) yang Dibudidayakan di Kabupaten Banyumas

<b>Title</b>	Isolasi dan Identifikasi Molekuler Bakteri Proteolitik dari Saluran Pencernaan Ikan Nila ( <i>Oreochromis niloticus</i> ) yang Dibudidayakan di Kabupaten Banyumas
<b>Author Order</b>	2 of 7
<b>Accreditation</b>	2
<b>Abstract</b>	<p>Keberadaan bakteri proteolitik pada komoditas akuakultur penting untuk dipelajari, salah satunya terkait dengan praktek budidaya ikan skala kecil di daerah pedesaan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keberadaan dan melakukan identifikasi secara molekuler bakteri proteolitik yang diisolasi dari saluran pencernaan ikan nila (<i>Oreochromis niloticus</i>). Sampel ikan nila diambil dari tiga unit kegiatan akuakultur yang menggunakan pakan berbeda di Kabupaten Banyumas yaitu dari Desa Pandak (dengan probiotik, pakan pellet), Desa Beji (tanpa probiotik, pakan tumbuhan) dan Desa Tambaksogra (dengan probiotik, kombinasi pakan pellet dan tumbuhan). Jumlah bakteri, proporsi bakteri proteolitik, dan indeks aktifitas proteolitik diamati dari usus bagian anterior, middle, dan posterior. Sampel isolat bakteri proteolitik dikelompokkan berdasarkan hasil analisis restriksi 16S rDNA menggunakan software PhyEIp. Bakteri dari setiap kelompok diidentifikasi berdasarkan sekuen gen 16S rDNA dengan menggunakan analisis BLAST dan analisis filogenetik. Jumlah bakteri di saluran pencernaan ikan nila dari tiga tempat relatif sama dan cenderung meningkat ke arah posterior. Hasil penelitian menunjukkan ikan nila dari Desa Pandak memiliki proporsi bakteri proteolitik yang lebih tinggi dibandingkan sampel ikan dari Desa Beji dan Tambaksogra. Nilai aktivitas bakteri proteolitik saluran pencernaan ikan nila dari Desa Pandak relatif lebih tinggi dibandingkan dari dua desa lainnya. Bakteri proteolitik dari saluran pencernaan ikan nila dapat dikelompokkan menjadi 15 kelompok berdasarkan polimorfisme hasil digesti fragment gen 16S rDNA. Sampel dari 15 kelompok tersebut memiliki sekuen 16S rDNA yang mirip dengan <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (4 isolat), <i>Plesiomonas shigelloides</i>, <i>Escherichia coli</i>, <i>Aeromonas veronii</i>, <i>Klebsiella variicola</i>, <i>Enterobacter ludwigii</i>, <i>Enterobacter hormaechei</i> (2 isolat), <i>Enterobacter cloacae</i>, <i>Bacillus subtilis</i>, <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> dan <i>Bacillus</i> sp.</p>
<b>Publisher Name</b>	Universitas Gadjah Mada
<b>Publish Date</b>	2021-12-31
<b>Publish Year</b>	2021
<b>Doi</b>	DOI: 10.22146/jfs.64072
<b>Citation</b>	
<b>Source</b>	Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada
<b>Source Issue</b>	Vol 23, No 2 (2021)
<b>Source Page</b>	95-105
<b>Url</b>	<a href="https://journal.ugm.ac.id/jfs/article/view/64072/33196">https://journal.ugm.ac.id/jfs/article/view/64072/33196</a>
<b>Author</b>	Dr.rer.nat. HAMDAN SYAKURI, S.Pi, M.Si