

RINGKASAN

OKTAVIA FRIMA SION SIMANJUNTAK. Identifikasi Bakteri Terkultur (*Cultivable*) dari Sedimen Mangrove dengan Teknik Konvensional dan *Biomolekuler*. Dibimbing oleh Prof. Dr. Agung Dhamar Syakti, S.Pi, DEA dan Dr. Yani Aryati, M.Si.

Sebagai salah satu ekosistem pesisir, mangrove memiliki peran dan fungsi penting secara ekonomis, biologis dan ekologis. Namun dalam beberapa dekade terakhir ekosistem mangrove menghadapi tekanan signifikan dari berbagai masukan limbah antropogenik yang berdampak pada terganggunya keberlangsungan fungsi ekosistem mangrove. Kondisi tersebut dapat ditanggulangi dengan memanfaatkan bakteri sebagai agen bioremediasi ramah lingkungan untuk mendegradasi berbagai polutan. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi bakteri yang dapat dikultur dari sedimen mangrove di Perairan Pengudang dan Dompok dengan menggunakan kombinasi teknik konvensional dan *biomolekuler*. Penelitian ini dilakukan pada bulan September 2024 hingga Januari 2025, di Laboratorium Bakteriologi dan Mikrobiologi Lingkungan, Pusat Penelitian Mikrobiologi Terapan, BRIN Cibinong, Bogor - Jawa Barat. Penentuan stasiun penelitian dilakukan dengan metode *purposive sampling* dan pengambilan sampel sedimen menggunakan metode *grab sampling* yang dilakukan pada saat surut yang diulang sebanyak 4 titik sampling di setiap stasiunnya dengan jarak 10 m antar titik pengambilan sampel. Alat dan bahan yang digunakan meliputi cawan petri, jarum ose, inkubator, laminare air flow, mikroskop, nanodrop, thermocycler, elektroforesis apparatus, larutan NaCl, media NA, larutan KOH 3%, CTAB-Kloroform, master mix, dan primer 16S rRNA. Analisis data dilakukan dengan menghitung densitas koloni bakteri (CFU/mL), mengukur konsentrasi DNA, menganalisis hasil sekuens 16S rRNA menggunakan platform EzBioCloud dan merekonstruksi pohon filogenetik menggunakan software MEGA 11. Berdasarkan hasil penelitian diperoleh 13 isolat bakteri terkultur yang telah teruji potensinya, dengan morfologi koloni bervariasi meliputi bentuk circular hingga irregular, warna putih hingga cream kekuningan dan cream keputihan, margin curled, entire hingga undulate, dan elevasi flat, convex dan umbonate dengan morfologi sel yang didominasi oleh bentuk basil yang terdiri dari 10 isolat gram positif dan 3 isolat gram negatif serta berdasarkan hasil analisis gen 16S rRNA didapatkan bahwa seluruh isolat memiliki tingkat kemiripan 100% terhadap spesies referensi diantaranya isolat P.1-A teridentifikasi sebagai *B. mycoides*, P.1-B : *P. megaterium*, P.1-E : *P. flexa*, P.1-H : *L. xylanilyticus*, P.1-I : *B. pseudomycoides*, P.2-C : *B. paramycoides*, P.2-L2 : *P. aryabhattai*, P.3-B : *S. perfectomarina*, P.3-H : *N. farcinica*, P.3-K : *B. anthracis*, P.4-O : *P. espejiana*, D.1-O : *P. fulvigenes*, dan isolat D.3-N yang teridentifikasi sebagai *B. altitudinis*. Keragaman bakteri terkultur dengan spesies yang teridentifikasi ini menunjukkan potensi biodegradasi polutan dan peluang dalam aplikasi bioteknologi berkelanjutan.

Kata kunci: Bakteri terkultur, Sedimen Mangrove, Sekuensing 16S rRNA, Teknik Biomolekuler, Teknik Konvensional.

SUMMARY

OKTAVIA FRIMA SION SIMANJUNTAK. Identification of Cultivable Bacteria from Mangrove Sediments by Conventional and Biomolecular Techniques. Supervised by Prof. Dr. Agung Dhamar Syakti, S.Pi, DEA and Dr. Yani Aryati, M.Si.

As one of the coastal ecosystems, mangroves play an important role and function economically, biologically, and ecologically. However, in recent decades, mangrove ecosystems have faced significant pressure from various anthropogenic waste inputs that have disrupted the sustainability of mangrove ecosystem functions. This condition can be overcome by utilizing bacteria as environmentally friendly bioremediation agents to degrade various pollutants. This study aims to identify bacteria that can be cultured from mangrove sediments in the Pengudang and Dompok waters using a combination of conventional and biomolecular techniques. The research was conducted from September 2024 to January 2025 at the Bacteriology and Environmental Microbiology Laboratory, Center for Applied Microbiology Research, BRIN Cibinong, Bogor - West Java. Research stations were determined using purposive sampling, and sediment samples were collected using *grab sampling* during low tide, repeated at four sampling points per station, with a 10-meter distance between sampling points. The equipment and materials used included petri dishes, inoculation needles, incubators, laminar air flow cabinets, microscopes, nanodrops, thermocyclers, electrophoresis apparatus, NaCl solutions, NA media, 3% KOH solutions, CTAB-chloroform, master mixes, and 16S rRNA primers. Data analysis was performed by calculating bacterial colony density (CFU/mL), measuring DNA concentration, analyzing 16S rRNA sequence results using the EzBioCloud platform, and reconstructing phylogenetic trees using MEGA 11 software. Based on the research results, 13 cultured bacterial isolates were obtained that have been tested for their potential, with varying colony morphologies ranging from circular to irregular shapes, white to cream-yellow and cream-white colors, curled margins, entire to undulate, and flat, convex, and unbonate elevations, with cell morphology dominated by bacillus shapes, consisting of 10 Gram-positive isolates and 3 Gram-negative isolates. Based on the analysis of the 16S rRNA gene, all isolates showed 100% similarity to reference species, including isolate P.1-A identified as *B. mycoides*, P.1-B: *P. megaterium*, P.1-E: *P. flexa*, P.1-H: *L. xylanilyticus*, P.1-I: *B. pseudomycoides*, P.2-C: *B. paramycoides*, P.2-L2: *P. aryabhatai*, P.3-B: *S. perfectomarina*, P.3-H: *N. farcinica*, P.3-K: *B. anthracis*, P.4-O: *P. espejiana*, D.1-O: *P. fulvigenes*, and isolate D.3-N identified as *B. altitudinis*. The diversity of cultured bacteria with these identified species indicates the potential for pollutant biodegradation and opportunities in sustainable biotechnology applications.

Keywords: Biomolecular techniques, Conventional techniques, Cultured bacteria, Mangrove sediment, 16S rRNA sequencing,