

**IDENTIFIKASI DAN FILOGENETIKA BAKTERI *AEROMONAS SPP.*
ISOLAT AIR KOLAM BEBERAPA KOTA BERDASARKAN PADA
SIKUEN GEN *16S rRNA***

ABSTRAK

Air dapat menjadi perantara bagi bakteri patogen untuk menginfeksi penyakit, salah satunya adalah bakteri *Aeromonas*. Bakteri ini merupakan patogen baik pada manusia atau hewan khususnya ikan. Hubungan kekerabatan antara bakteri *Aeromonas* perlu diketahui untuk mengetahui keanekaragaman dan penyebaran strain patogen di perairan, sehingga dapat digunakan untuk uji kualitas air secara tepat dan cepat serta dapat digunakan untuk menanggulangi efek patogen dari bakteri *Aeromonas*. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakteristik, keberadaan gen virulen, dan hubungan filogenetika dari bakteri *Aeromonas spp.* Dari 44 isolat yang diperoleh dilakukan uji morfologi (pewarnaan Gram), uji biokimia yang meliputi uji RS+Novobiocin, motilitas, oksidasi, OF, indol, VP, sitrat, fermentasi laktosa, deteksi hemolisis, dan deteksi gen *lipase*. Kemudian 8 isolat terpilih dan dua isolat kontrol disekuensing berdasarkan pada gen *16S rRNA*. Pohon filogenetika didapatkan dengan menggunakan *Clustal X* dan *MEGA 5*. Hasil yang diperoleh dari pohon filogenetika, bakteri *Aeromonas spp.* dapat digolongkan menjadi 3 grup yaitu grup pertama terdiri dari lima isolat yang berkelompok sendiri, grup kedua terdiri dari dua isolat yang berdekatan dengan *Aeromonas veronii* dan kelompok terakhir terdiri dari satu isolat serta dua isolat kontrol berdekatan dengan grup *Aeromonas hydrophila*. Dari delapan isolat yang ditemukan, *Aeromonas spp.* merupakan bakteri Gram negative berbentuk basil pendek, bersifat motil, positif uji oksidase, dan OF. Gen virulen pada *Aeromonas spp.* yang ditemukan terdistribusi acak.

Kata kunci : *Aeromonas spp.*, filogenetika, gen *16S rRNA*

IDENTIFICATION AND PHYLOGENETIC OF *Aeromonas spp.* WATER POND ISOLATES FROM SOME CITIES BASED ON *16S rRNA* GENE SEQUENCE

ABSTRACT

Water can be an intermediary factor for pathogenic bacteria to infect the disease, one of which is *Aeromonas*. This bacterium is pathogenic to either humans or animals especially fish. Phylogenetic relationship between *Aeromonas spp.* need to describe to know the diversity and distribution of pathogen strains in water, so it can be used to test water quality accurately and quickly and can be used to overcome the pathogenic effects of *Aeromonas*. This study aimed to determine the characteristics, the presence of virulence genes, and phylogenetic relationships of *Aeromonas spp.* Morphology (Gram staining); biochemical tests include RS + Novobiocin, motility, oxidation, OF, indole, VP, citrate, lactose fermentation, hemolysis detection; and detection of lipase gene were determined from 44 isolates. Then 8 selected isolates and two control isolates were sequenced based on *16S rRNA* gene. Phylogenetic trees obtained using Clustal X and MEGA 5. The results of the phylogenetic tree, *Aeromonas spp.* can be classified into 3 groups, the first group consisted of five isolates clustered alone, the second group consists of two isolates which have close relationship with *Aeromonas veronii* and the last group consisted of one isolate and two control isolates have close relationship with *Aeromonas hydrophila*.

Keywords: *Aeromonas spp.*, phylogenetic, *16S rRNA* gene