



Intisari

KERAGAMAN BAKTERI PADA USUS IKAN LELE (*Clarias sp.*) YANG TUMBUH CEPAT DAN TUMBUH LAMBAT

Ikan lele (*Clarias sp.*) merupakan salah satu komoditas budidaya air tawar yang banyak dibudidayakan. Penelitian keanekaragaman komunitas bakteri merupakan tahap awal aplikasi mikrobioma dalam bidang akuakultur. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui kelimpahan komunitas bakteri ikan lele yang tumbuh cepat dan tumbuh lambat dari kolam budidaya di Kabupaten Sleman, Yogyakarta dengan menggunakan metode *Next Generation Sequencing*. Ikan lele yang tumbuh cepat dan tumbuh lambat diambil dari 2 kolam di lokasi berbeda. DNA dari usus ikan lele diekstraksi menggunakan kit ekstraksi DNA dan dilakukan amplifikasi DNA 16S pada region V3-V4. Ikan lele yang tumbuh cepat memiliki nilai OTU yang lebih sedikit (357 dan 297 OTU) dibandingkan ikan lele yang tumbuh lambat (1685 & 585 OTU). Terdapat perbedaan komposisi bakteri pada ikan yang tumbuh cepat dan tumbuh lambat. Ikan yang tumbuh cepat didominasi oleh filum Fusobacteria (38,8%), sedangkan ikan yang tumbuh lambat didominasi oleh filum Firmicutes (47,6%). Terdapat 165 OTU unik yang hanya ditemukan pada kelompok ikan yang tumbuh cepat, dibandingkan 1698 OTU unik pada kelompok ikan yang tumbuh lambat. OTU unik pada ikan lele yang tumbuh cepat teridentifikasi terdiri dari bakteri *Actinomyces*, *Fibrobacter succinogenes*, dan bakteri *Bacteroides*.

Kata kunci: Ikan lele, bakteri usus, firmicutes, fusobacteria, keragaman



Abstract

BACTERIAL DIVERSITY IN THE GUT OF FAST AND SLOW GROWING CATFISH (*Clarias sp.*)

Catfish (*Clarias sp.*) is a commonly cultivated freshwater aquaculture commodity. Studying the diversity of bacterial communities is the first step in exploring the applications of microbiomes in aquaculture. The aim of this study was to ascertain the bacterial abundance and community of fast-growing and slow-growing catfish from a cultured environment using the Next-Generation Sequencing (NGS) method. Both fast-growing and slow-growing catfish were collected from two separate ponds located in different areas. The DNA from the gut of catfish was extracted utilizing a DNA extraction kit and employed as a template for amplification of the 16S DNA using the V3-V4 region. Fast-growing catfish exhibit a lower number of Operational Taxonomic Units (OTU) compared to slow-growing catfish, with values of 357 and 297 OTU for fast-growing catfish and 1685 and 585 OTU for slow-growing catfish. The bacterial community exhibited dissimilar composition. The phylum Fusobacteria accounts for 38.8% of the dominant species in fast-growing catfish, whereas the phylum Firmicutes accounts for 47.6% of the dominant species in slow-growing catfish. The number of unique Operational Taxonomic Units (OTUs) found exclusively in fast-growing catfish groups is 165, whereas the number of unique OTUs in slow-growing fish groups is 1698. Unique OTU in fast-growing catfish identified as genus *Actinomyces*, *Fibrobacter succinogenes*, and genus *Bacteroides*.

Keywords: catfish, gut bacteria, Firmicutes, Fusobacteria, diversity