

INTISARI

Penggunaan antibiotik dalam pertanian telah berkontribusi pada munculnya resistensi tidak hanya di lingkungan klinis tetapi juga pada bakteri lingkungan dan bakteri yang terkait dengan tanaman. Di Asia Tenggara, termasuk Indonesia, penggunaan antibiotik dalam budidaya padi masih kurang diatur, menimbulkan kekhawatiran akan munculnya patogen tumbuhan yang resisten terhadap antibiotik. Studi ini bertujuan untuk menilai kepekaan antibiotik dan mendeteksi gen resistensi antibiotik (ARGs) serta integron pada *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, agen penyebab penyakit layu daun bakteri pada padi. Sebanyak 34 isolat *X. oryzae* pv. *oryzae* dikumpulkan dari wilayah penghasil padi utama di Indonesia, termasuk Sulawesi Selatan, Yogyakarta, Jawa Tengah, dan Jawa Timur. Isolat-isolat ini diuji kepekaan antibiotik secara fenotipik menggunakan metode mikrodilusi cairan terhadap lima antibiotik. Klasifikasi resistensi didasarkan pada nilai MIC₅₀ dan MIC₉₀, menunjukkan variasi dalam kepekaan. Ampicillin dan kanamycin menunjukkan nilai MIC₉₀ tertinggi, menunjukkan efektivitas yang berkurang, sementara gentamicin dan streptomycin menunjukkan efektivitas yang lebih tinggi. Berdasarkan profil fenotipik, 10 isolat representatif dipilih untuk skrining molekuler. Uji PCR mengidentifikasi beberapa gen resistensi antibiotik (ARGs), termasuk *blaOXY*, *aadA7*, *aac(IV)*, *cmIV*, *tet(X5)*, *tetD*, dan *intl3*. Menariknya, beberapa isolat yang membawa gen resistensi menunjukkan kerentanan fenotipik, menyarankan bahwa keberadaan ARGs tidak selalu memberikan resistensi yang terdeteksi dalam kondisi uji. Ketidakesesuaian ini mungkin disebabkan oleh faktor regulasi atau fungsional, meskipun penyelidikan lebih lanjut diperlukan. Meskipun kesadaran semakin meningkat, data molekuler tentang ARGs dan integron pada *X. oryzae* pv. *oryzae* dari sawah padi Indonesia masih terbatas, menjadikan studi ini salah satu yang pertama untuk mengatasi kesenjangan pengetahuan ini.

Kata Kunci: *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, antibiotik resisten gen, Konsentrasi hambat minimum, Integron

ABSTRACT

Antibiotic use in agriculture has contributed to the emergence of resistance not only in clinical settings but also in environmental and plant-associated bacteria. In Southeast Asia, including Indonesia, the application of antibiotics in rice cultivation remains poorly regulated, raising concerns over the emergence of antibiotic-resistant phytopathogens. This study aimed to assess the antibiotic susceptibility and detect antibiotic resistance genes (ARGs) and integron in *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, the causal agent of bacterial leaf blight in rice. A total of 34 *X. oryzae* pv. *oryzae* isolates were collected from major rice-producing regions in Indonesia, including South Sulawesi, Yogyakarta, Central Java, and East Java. These isolates were subjected to phenotypic antibiotic susceptibility testing using the broth microdilution method against five antibiotics. Resistance classification was based on MIC₅₀ and MIC₉₀ values, revealing variability in susceptibility. Ampicillin and kanamycin exhibited the highest MIC₉₀ values, indicating reduced efficacy, while gentamicin and streptomycin showed greater effectiveness. Based on the phenotypic profiles, 10 representative isolates were selected for molecular screening. PCR assays identified several ARGs, including *blaOXY*, *aadA7*, *aac(IV)*, *cmIV*, *tet(X5)*, *tetD*, and *intI3*. Interestingly, several isolates carrying resistance genes exhibited phenotypic susceptibility, suggesting that the presence of ARGs does not always confer detectable resistance under test conditions. This discrepancy may be due to regulatory or functional factors, though further investigation is required. Despite growing awareness, molecular data on ARGs and integron in *X. oryzae* pv. *oryzae* from Indonesian rice fields remain scarce, making this study one of the first to address this knowledge gap.

Keywords: *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Antibiotic resistance genes, Minimum inhibitory concentration, Integron