UNIVERSITAS
GADJAH MADA
GAMBARAN KELIMPAHAN BIFIDOBACTERIACEAE DAN ENTEROBACTERIACEAE PADA ANAK SEHAT USIA DINI DI TEMPAT PENDIDIKAN ANAK (TPA) RS X YOGYAKARTA
Afif Fakhrusy Syakirin, apt. M. Novrizal Abdi Sahid., M.Eng., Ph.D.; Prof. Dr. apt. Ika Puspita Sari, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Saluran pencernaan merupakan sistem organ yang kompleks dan dinamis yang dihuni berbagai macam mikroorganisme. Salah satu mikroorganisme yang hidup pada saluran pencernaan adalah bakteri. Bakteri memiliki peran yang penting dalam proses pencernaan, metabolisme, dan imunitas tubuh. Bakteri saluran pencernaan pada anak usia dini masih berada dalam tahap perkembangan dan sangat dipengaruhi oleh berbagai faktor. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis gambaran antara pola makan asupan serat dengan kelimpahan populasi bakteri pada saluran pencernaan khususnya famili *Bifidobacteriaceae* dan *Enterobacteriaceae* pada anak sehat usia dini di TPA RS X Yogyakarta. Famili *Bifidobacteriaceae* dan *Enterobacteriaceae* dinilai sebagai dua diantara banyak kelompok bakteri yang berpengaruh terhadap Kesehatan saluran pencernaan.

Sampel yang digunakan berupa feses yang diperoleh dari 6 anak berusia 0-5 tahun yang berdomisili di Yogyakarta. DNA bakteri dalam feses diisolasi menggunakan kit isolasi DNA bakteri (ZymoBIOMICS^{TM} DNA Miniprep Kit) mengikuti protokol pabrikan. DNA hasil isolasi diamplifikasi menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer gen *16S rRNA* (spesifik bakteri), *rpoB*, dan *16S rRNA* spesifik *Bifidobacteriaceae* dengan kondisi amplifikasi sebanyak 20 siklus. Amplikon dipisahkan menggunakan metode elektroforesis gel agarosa dan divisualisasikan menggunakan *gel red detection system* (GelRed, Nucleic Acid Gel Stain, Biotium). Pita DNA yang terbentuk dikuantifikasi menggunakan aplikasi *Image Lab 6.1* dengan menghitung intensitas pita sebagai indikator kelimpahan DNA bakteri. Data disajikan sebagai rasio antara bakteri target terhadap bakteri kontrol.

Hasil analisis menunjukkan bahwa rata-rata asupan serat subjek pada penelitian ini sebesar 0.21 g/hari. Nilai rasio bakteri *Bifidobacteriaceae* terhadap kontrol masing-masing individu S1–S6 secara berurutan adalah 0.977 ± 0.330; 0.947 ± 0.338; 0.995 ± 0.430; 0.771 ± 0.005; 0.906; 0.403. Sedangkan, nilai rasio bakteri *Enterobacteriaceae* terhadap kontrol pada masing masing individu S1–S6 secara berurutan adalah 0.321 ± 0.427; 0.207 ± 0.280; 0.157 ± 0.218; 0.398 ± 0.536; 0.002; 0.002. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa gambaran mikrobiota saluran pencernaan anak sehat usia dini di TPA RS X di Yogyakarta yang menjadi subjek pada penelitian ini cenderung didominasi oleh bakteri *Bifidobacteriaceae.*

Kata Kunci: Serat, *Enterobacteriaceae*, *Bifidobacteriaceae*, PCR, feses.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
GAMBARAN KELIMPAHAN BIFIDOBACTERIACEAE DAN ENTEROBACTERIACEAE PADA ANAK SEHAT USIA DINI DI TEMPAT
PENDIDIKAN ANAK (TPA) RS X YOGYAKARTA
Afif Fakhrusy Syakirin, apt. M. Novrizal Abdi Sahid., M.Eng., Ph.D.; Prof. Dr. apt. Ika Puspita Sari, S.Si., M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

Abstract

The gastrointestinal tract is a complex and dynamic organ system inhabited various kinds of microorganisms. One type of microorganism that lives in the gastrointestinal tract is bacteria. Bacteria play an important role in digestion, metabolism, and the immune system. The gut microbiota in young children is still developing and is greatly influenced by various factors. This study aims to analyze the relationship between dietary fiber intake and the abundance of bacterial populations in the gastrointestinal tract specifically the families Bifidobacteriaceae and Enterobacteriaceae in healthy young children at the TPA RS X Yogyakarta. The families Bifidobacteriaceae and Enterobacteriaceae are considered two of the many bacterial groups that influence gastrointestinal health.

The samples used were fecal samples collected from 6 children aged 0–5 years residing in Yogyakarta. Bacterial DNA in the fecal samples was isolated using a bacterial DNA isolation kit (ZymoBIOMICSTM DNA Miniprep Kit) according to the manufacturing protocol. The isolated DNA was amplified using the Polymerase Chain Reaction (PCR) method with primers targeting *16S rRNA gene (*bacteria-specific*), rpoB,* and *Bifidobacteriaceae-specific 16S rRNA*, with amplification conditions set at 20 cycles. The amplicons were separated using agarose gel electrophoresis and visualized using a GelRed detection system (GelRed, Nucleic Acid Gel Stain, Biotium). The resulting DNA bands were quantified using the Image Lab 6.1 software by calculating band intensity as an indicator of bacterial DNA abundance. The data were presented as the ratio of target bacteria to control bacteria.

The results of the analysis showed that the average fiber intake of the subjects in this study was 0.21 g/day. The Bifidobacteriaceae-to-control ratios for individuals S1–S6, in order, were 0.977 ± 0.330; 0.947 ± 0.338; 0.995 ± 0.430; 0.771 ± 0.005; 0.906; and 0.403. Meanwhile, the ratio of Enterobacteriaceae bacteria to the control for each individual S1–S6, in order, was 0.321 ± 0.427; 0.207 ± 0.280; 0.157 ± 0.218; 0.398 ± 0.536; 0.002; 0.002. The results indicate that the gut microbiota profile of healthy young children at the TPA of Hospital X in Yogyakarta, who were the subjects of this study, tends to be dominated by Bifidobacteriaceae bacteria.

Keywords: Fiber, Enterobacteriaceae, Bifidobacteriaceae, PCR, stool.