UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Analisis Keragaman Bakteri pada Usus Ikan Nila Merah (Oreochromis sp.) yang Tumbuh Cepat dan Lambat
Fatihul Abyan Amartya, Dr. Ir. Triyanto, M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Analisis Keragaman Bakteri pada Usus Ikan Nila Merah (*Oreochromis* sp.) yang Tumbuh Cepat dan Lambat

Perbedaan pertumbuhan masih menjadi tantangan dalam budidaya ikan nila merah (*Oreochromis* sp.), sementara komunitas mikrobiota usus diketahui berkaitan dengan performa pertumbuhan. Penelitian ini bertujuan menganalisis komposisi, keragaman, dan prediksi potensi fungsional mikrobiota usus tengah ikan nila merah tumbuh cepat (B) dan tumbuh lambat (K) menggunakan sekuensing gen 16S rRNA *full-length* dengan *Oxford Nanopore Technologies*. Sebanyak 38 ekor ikan nila merah berukuran konsumsi dikumpulkan dari dua kolam budidaya berbasis kolam tanah di Kapanewon Banguntapan dan Depok, Yogyakarta, kemudian mikrobiota usus tengahnya digabungkan menjadi empat sampel gabungan untuk analisis komposisi dan keragaman, sedangkan prediksi potensi fungsional dilakukan menggunakan PICRUSt2. Analisis ordinasi menunjukkan pemisahan komunitas mikrobiota antara kedua kelompok, dengan kelompok tumbuh lambat cenderung memiliki keragaman alfa yang lebih tinggi. Kelompok tumbuh cepat didominasi oleh Fusobacteriota dan *Cetobacterium somerae* sebagai *biomarker* utama, sementara kelompok tumbuh lambat menunjukkan proporsi Bacillota yang lebih tinggi, terutama *Bacillus* dan *Clostridium*. Prediksi potensi fungsional menunjukkan diperkayanya jalur biosintesis vitamin B12, vitamin B6, dan biotin pada kelompok tumbuh cepat, sedangkan jalur degradasi senyawa organik dan aromatik lebih diperkaya pada kelompok tumbuh lambat. Temuan ini menunjukkan bahwa komposisi dan prediksi fungsi mikrobiota usus berasosiasi dengan kategori pertumbuhan ikan nila merah, dengan *Cetobacterium somerae* sebagai *biomarker* mikroba potensial untuk mendukung pengembangan strategi budidaya berbasis mikrobiota.

Kata kunci: *biomarker* mikrobiota, *Cetobacterium somerae*, gen 16S rRNA, *Oxford Nanopore Technologies*, PICRUSt2

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Analisis Keragaman Bakteri pada Usus Ikan Nila Merah (Oreochromis sp.) yang Tumbuh Cepat dan Lambat
Fatihul Abyan Amartya, Dr. Ir. Triyanto, M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Analysis Of Bacterial Diversity in The Gut of Fast- And Slow-Growing Red Tilapia (*Oreochromis* sp.)

Growth variation remains a challenge in tilapia (*Oreochromis* sp.) culture, whereas the gut microbial community is known to be associated with growth performance. This study aimed to analyze the composition, diversity, and predicted functional potential of the midgut microbiota of fast-growing (B) and slow-growing (K) tilapia using full-length 16S rRNA gene sequencing with Oxford Nanopore Technologies. A total of 38 tilapia of consumption size were collected from two commercial culture ponds in District Banguntapan and Depok, Yogyakarta, after which their midgut microbiota was pooled into four composite samples for compositional and diversity analyses, whereas the predicted functional potential was determined using PICRUSt2. Ordination analysis revealed a separation of the microbial communities between the two groups, with the slow-growing group tending to show higher alpha diversity. The fast-growing group was dominated by Fusobacteriota and *Cetobacterium somerae* as the main biomarker, whereas the slow-growing group showed a higher proportion of Bacillota, particularly *Bacillus* and *Clostridium*. The predicted functional potential indicated an enrichment of vitamin B12, vitamin B6, and biotin biosynthesis pathways in the fast-growing group, whereas degradation pathways of organic and aromatic compounds were more enriched in the slow-growing group. These findings indicate that the composition and predicted function of the gut microbiota are associated with the growth category of tilapia, with *Cetobacterium somerae* as a potential microbial biomarker to support the development of microbiota-based aquaculture strategies.

Kata kunci: microbiota biomarker, *Cetobacterium somerae*, 16S rRNA gene, Oxford Nanopore Technologies, PICRUSt2