UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Dinamika Komposisi dan Diversitas Bakteri di Usus Ikan Lele (Clarias sp.) pada Berbagai Tahapan Budidaya
Samsuri Djamal, Prof. Dr. Ir. Murwantoko, M.Si.; Dr. Ir. Triyanto, M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Dinamika Komposisi dan Diversitas Bakteri di Usus Ikan Lele (*Clarias* sp.) pada Berbagai Tahapan Budi Daya

Samsuri Djamal

Mikrobiota usus memiliki peran vital dalam fungsi fisiologis, imunitas, dan kesehatan ikan budi daya. Namun, dinamika komunitas bakteri ini sepanjang siklus hidup ikan lele (*Clarias* sp.) di Indonesia masih belum banyak dikaji secara komprehensif. Penelitian ini bertujuan mengkarakterisasi dinamika komposisi dan diversitas bakteri usus ikan lele pada tiga tahapan budi daya (pembenihan, pendederan, dan pembesaran) di dua lokasi berbeda, yaitu Karangmojo (Gunungkidul) dan Cangkringan (Sleman), serta mengidentifikasi *core microbiota* dan kandidat biomarker menggunakan pendekatan metabarcoding gen 16S rRNA. Hasil menunjukkan adanya suksesi taksonomi yang terarah, ditandai oleh dominansi filum Bacillota (genus *Clostridium*) pada tahap pembenihan, yang kemudian bergeser menjadi dominansi Fusobacteriota dan Bacteroidota dengan *Cetobacterium somerae* sebagai spesies dominan pada tahap pembesaran. Diversitas alfa menunjukkan penurunan pada tahap pembesaran (Shannon 2,75→3,01→2,37), mengindikasikan peningkatan seleksi oleh inang seiring pematangan usus. Analisis PERMANOVA menunjukkan bahwa variasi komunitas lebih dipengaruhi oleh tahap budi daya (R^2 = 0,43) dibandingkan lokasi geografis (R^2 = 0,29), meskipun tidak signifikan ($p > 0,05$). Sebanyak 80 taksa diidentifikasi sebagai *core microbiota*, termasuk *C. somerae* dan *Weissella confusa*. Analisis LEfSe mengidentifikasi biomarker spesifik pada setiap tahap budi daya, yaitu *Clostridium chrysemydis*, *Dysgonomonas alginatilytica*, dan *Edwardsiella* spp. pada pembenihan, *W. confusa* dan *Lactococcus lactis* pada pendederan, serta *C. somerae* dan *Bacteroides* spp. pada pembesaran. Temuan ini menyediakan data dasar bagi pengelolaan kesehatan ikan dan pengembangan probiotik berbasis tahapan guna mendukung keberlanjutan budi daya lele.

Kata kunci: mikrobiota usus, *Clarias* sp., gen 16S rRNA, *core microbiota*, biomarker.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Dinamika Komposisi dan Diversitas Bakteri di Usus Ikan Lele (Clarias sp.) pada Berbagai Tahapan Budidaya
Samsuri Djamal, Prof. Dr. Ir. Murwantoko, M.Si.; Dr. Ir. Triyanto, M.Si.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Dynamics of Gut Bacterial Composition and Diversity Across Different Cultivation Stages of Catfish (*Clarias* sp.)

Samsuri Djamal

Gut microbiota plays a fundamental role in nutrient digestion, immune regulation, and overall health of farmed fish. However, the dynamics of gut bacterial communities throughout the catfish cultivation (*Clarias* sp.) in Indonesia remain poorly understood. This study aimed to characterize the dynamics of gut bacterial composition and diversity across three cultivation stages (hatchery, nursery, and grow-out) at two farm sites, Karangmojo (Gunungkidul) and Cangkringan (Sleman), and to identify the core microbiota and stage-specific biomarkers using a 16S rRNA gene metabarcoding approach. The results revealed a directional taxonomic succession, with the hatchery stage dominated by the phylum Bacillota (genus *Clostridium*), followed by a shift toward Fusobacteriota and Bacteroidota, while *Cetobacterium somerae* became the predominant species during the grow-out stage. Alpha diversity, particularly the Shannon index and richness, generally declined toward the grow-out stage (Shannon 2.75→3.01→2.37), suggesting stronger host filtering as the intestinal ecosystem matured. PERMANOVA indicated that community variation was more strongly associated with cultivation stage (R^2 = 0.43) than with geographic location (R^2 = 0.29), although neither factor was statistically significant ($p > 0.05$). A total of 80 taxa were identified as core microbiota, including *C. somerae* and *Weissella confusa*. LEfSe analysis identified stage-specific biomarkers, including *Clostridium chrysemydis*, *Dysgonomonas alginatilytica*, and *Edwardsiella* spp. in the hatchery stage, *W. confusa* and *Lactococcus lactis* in the nursery stage, and *C. somerae* together with *Bacteroides* spp. in the grow-out stage. These findings provide essential baseline information for gut microbiota management and the development of stage-specific probiotic strategies to enhance the sustainability and productivity of catfish farming in Indonesia.

Keywords: gut microbiota, *Clarias* sp., 16S rRNA gene, core microbiota, biomarker