

## EVALUASI KUALITAS MIKROBIOLOGIS SUSU KAMBING PADA MANAJEMEN PEMERAHAN YANG BERBEDA

### INTISARI

Ismiarti  
16/407585/PPT/00966

Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi kualitas mikrobiologis susu kambing dengan penerapan manajemen pemerahan berbeda pada peternakan rakyat. Sampel diambil dari 20 ekor kambing persilangan Saanen dan Peranakan Etawah pada dua peternakan dengan manajemen pemerahan berbeda yaitu Grup A dan Grup B. Grup A manajemen pemerahan dilakukan secara manual (*hand milking*), tidak ada perlakuan sebelum pemerahan dan susu pada pemerahan pertama tidak ditampung. Grup B manajemen pemerahan dilakukan menggunakan *bucket tank milking machine*, pemerahan dilakukan di kandang pemerahan, dilakukan pencucian ambing dan puting menggunakan air hangat dan di lap, susu pemerahan pertama tidak ditampung, dan dilakukan *dipping* setelah pemerahan. Kualitas yang diamati meliputi *Total Plate Count* (TPC), *Enterobacteriaceae* (EB), Shiga toxin producing *Escherichia coli* (STEC), dan *Salmonella*. Data dianalisis dengan t test menggunakan IBM SPSS® versi 24.0. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Grup A memiliki TPC dan EB lebih tinggi ( $P < 0,05$ ) dari Grup B. Rerata TPC Grup A dan Grup B secara berurutan adalah  $4,05 \times 10^7$  CFU/ g dan  $1,97 \times 10^5$  CFU/ g, sedangkan rerata EB secara berurutan adalah  $6,38 \times 10^4$  CFU/ g dan  $9,15 \times 10^3$  CFU/ g. Pada Grup A dan Grup B masing-masing ditemukan 80% (8/10) sampel terduga STEC dan 30% (3/10) sampel terduga *Salmonella*. DNA genom isolat STEC dan *Salmonella* diamplifikasi menggunakan metode PCR *thermal cycler*. Amplifikasi DNA genom STEC dengan primer *stx1* diperoleh parsial sekuen sepanjang 180 bp dan primer *stx2* tidak menghasilkan produk PCR. Amplifikasi DNA genom *Salmonella* dengan primer *16S rRNA* diperoleh parsial sekuen sepanjang 1500 bp. Hasil konstruksi filogeni menunjukkan bahwa parsial sekuen genom STEC Grup A dan Grup B dengan primer *stx1* memiliki kemiripan lebih dari 90% dengan beberapa *Escherichia coli* O157:H7 strain Shiga toxin subunit 1A (*stx1A*) dan Shiga toxin subunit 1B (*stx1B*). Sedangkan parsial sekuen genom *Salmonella* Grup A dan Grup B dengan primer *16S rRNA* memiliki kemiripan lebih dari 90% dengan beberapa sekuen *Salmonella enterica*. Kesimpulannya bahwa tingkat higienitas dan sanitasi pada peternakan rakyat masih tergolong rendah dan ditemukan bakteri patogen pada susu yang dihasilkan.

Kata kunci : Manajemen pemerahan, kualitas mikrobiologis, *stx1*, *stx2*, *16S rRNA*.

## EVALUATION OF MICROBIAL QUALITY OF GOAT MILK OBTAINED UNDER DIFFERENT MILKING MANAGEMENT SYSTEMS

### ABSTRACT

Ismiarti

16/407585/PPT/00966

This study aimed to evaluate microbial quality of goat milk obtained under different milking management in smallholder dairy farm. Samples used were 20 crossbred dairy goats divided into two groups, Group A and Group B. In Group A milking was carried out manually (*hand milking*), no hygienic treatment before milking and the first milk flow was discarded. In Group B milking was conducted using bucket tank milking machine, milking stall was used, cleaned udder and teats using warm water were applied, the first milk flow was discarded, and dipping after milking. Observed parameters were *Total Plate Count* (TPC), *Enterobacteriaceae* (EB), Shiga toxin producing *Escherichia coli* (STEC), and *Salmonella*. Data obtained were analyzed using t test IBM SPSS® 24.0 version. The results showed that TPC and EB of Group A were higher ( $P < 0,05$ ) than Group B. Average of TPC Group A and Group B were  $4,05 \times 10^7$  CFU/ g and  $1,97 \times 10^5$  CFU/ g, respectively. Average of EB were  $6,38 \times 10^4$  CFU/ g and  $9,15 \times 10^3$  CFU/ g, respectively. In Group A and Group B were isolated 80% (8/10) STEC and 30% (3/10) *Salmonella*, respectively. Genome DNA of STEC and *Salmonella* isolates were amplified using PCR *thermal cycler* method. Amplification of genome DNA of STEC using primer *stx1* had a 180 bp product and primer *stx2* had no product. Amplification of genome DNA of *Salmonella* using primer *16S rRNA* had a 1500 bp product. Result of phylogeny construction showed that partial sequence of STEC genome of Group A and Group B using primer *stx1* had similarity more than 90% with several sequence of *Escherichia coli* O157:H7 strain Shiga toxin subunit 1A (*stx1A*) and Shiga toxin subunit 1B (*stx1B*). Whereas partial sequence of *Salmonella* genome of Group A and Group B using primer *16S rRNA* had similarity more than 90% with several sequence of *Salmonella enterica*. In conclusion, hygiene and sanitary practices in smallholder dairy goat are still poor and there are pathogenic bacteria isolated.

Keyword : Milking management, microbiological quality, *stx1*, *stx2*, *16S rRNA*.