



Identifikasi Bakteri pada Limfa Tikus Wirok (*Bandicota* sp.) Berdasarkan Sekuen Gen 16S rRNA

*Bacteria Identification in The Sindh Rice Rats Lymph (*Bandicota* sp.) Reposed of 16S rRNA Gene Sequence*

Ibnu Najib¹, Aprilia Indra Kartika¹, Sri Darmawati^{2*}

¹Program Studi D4 Teknologi Laboratorium Medis, Universitas Muhammadiyah Semarang

²Program Studi Magister Sains Laboratorium Medis, Universitas Muhammadiyah Semarang

Corresponding author: ciciekdarma@unimus.ac.id*, Ibnumajib03@gmail.com,

Riwayat Artikel: Dikirim

Abstrak

Zoonosis adalah penyakit yang dapat ditularkan dari hewan ke manusia. Penularan zoonosis dibedakan menjadi zoonosis yang berasal dari satwa liar, zoonosis dari hewan yang tidak dipelihara tetapi ada di sekitar rumah dan hewan yang di pelihara manusia, contoh hewan yang tidak dipelihara tetapi ada disekitar rumah adalah tikus. Tujuan Penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi spesies bakteri pada organ limfa tikus wirok menggunakan metode mikrobiologi konvensional dan molekuler. Proses isolasi bakteri dilakukan menggunakan media BAP dan MC, Pengecatan Gram, Uji enzimatis, Uji MSA. Proses identifikasi Molekuler dilakukan melalui sekuen fragmen 16S rRNA dengan metode PCR. DNA hasil amplifikasi kemudian disequensing. Proses isolasi didapatkan hasil berupa 4 isolat dengan ciri bulat, putih, 0.1 μ , lunak, halus, cembung, γ hemolisa, katalase positif, oksidase dan koagulase negatif. 3 isolat yang disequensing memiliki hasil pencejajaran dengan BLAST (*Basic Alignment Search Tool*) diketahui fragmen gen 16S rRNA strain 1L memiliki tingkat kemiripan 92% dan 4L memiliki tingkat kemiripan 95% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Klebsiella quasipneumoiae* strain ATCC 700603, 2L memiliki tingkat kemiripan 87% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Staphylococcus* sp. strain A3. Sebagai kesimpulan, strain 1L dan 4L terindikasi sebagai *Klebsiella quasipneumoiae* ATCC 700603 dan 2L terindikasi sebagai *Staphylococcus* sp. strain A3.

Kata kunci: Zoonosis, tikus, Gen 16S rRNA

Abstract

*Zoonosis is a disease that is transmittable by an animal to a human. The infection transmission of zoonosis can be differed to zoonosis that is originated from wild animals, zoonosis that originated from undomesticated animals around the household vicinity and domestic animals that are maintained by the humans, a prime example of undomesticated animal is rats. The purpose of this research is to identify the bacterial species in the Sindh rice rats lymphatic organ using the conventional microbiology methods and molecular. The process in isolating the bacteria is made by using media BAP and MC, Gram stains, enzymatic testing, and MSA testing. The Identification Molecular procedures is made through fragment sequences 16S rRNA bacteria that is amplified using forward primer and reverse primer by using PCR methods. The resulted DNA from the amplifying process is then sequenced. From the isolation process, the result process obtained result in the form of 4 isolates characterized by round, white, 0.1 μ , soft, smooth, convex, γ hemolysis, positive catalase, oxidase and negative coagulasi. The 3 sequenced isolates had alignment result with BLAST (basic alignment search tool), it is found that gen 16S rRNA strain 1L possessed the likelihood level of 92% and 4L have possessed the likelihood level of 95% with the gen fragment of 16S rRNA bacteria isolate *Klebsiella quasipneumoiae* strain ATCC 700603, L2 possesses the likelihood level of 87% with the fragment of gen 16S rRNA bacteria isolate *Staphylococcus* sp. strain A3. In conclusion, strain L1 and L4 was indicated as *Klebsiella quasipneumoiae* ATCC 700603 and L2 was indicated as *Staphylococcus* sp. strain A3.*

Keywords: Zoonosis, Rats, 16S rRNA gene



PENDAHULUAN

Zoonosis adalah penyakit yang dapat ditularkan dari hewan ke manusia, sehingga kontak dengan hewan yang berpenyakit menyebakan transmisi ke manusia (Widodo, 2008). Berkembangnya zoonosis dalam beberapa tahun terakhir menjadi tanda bertambahnya ancaman penyakit yang mematikan bagi manusia yang ditularkan oleh hewan (Widodo, 2008). Penularan zoonosis dibedakan menjadi zoonosis yang berasal dari satwa liar, zoonosis dari hewan yang tidak dipelihara tetapi ada di sekitar rumah dan hewan yang di pelihara manusia, salah satu contoh hewan yang tidak dipelihara tetapi ada disekitar rumah adalah tikus (Widodo, 2008).

Semakin pesatnya pertumbuhan penduduk dan pemukiman, semakin meningkatkan resiko kontak langsung antara manusia dan agen infeksi yang dibawa oleh tikus. Kondisi Kota Semarang yang sering tergenang banjir karena sampah yang tidak dikelola dengan baik dan 100% semakin memperbesar resiko tersebut serta pencemaran di beberapa lokasi memungkinkan munculnya infeksi penyakit. (Lamas *et al.*, 2006).

Tikus merupakan *rodensia* di Asia tenggara yang dapat menyebabkan penurunan ekonomi dan dapat menularkan penyakit pada manusia (Hoque *et al.*, 1988). Tikus wirok (*Bandicota* sp.) adalah salah satu jenis tikus yang paling besar ukurannya. Di Jawa ada 2 jenis yaitu *Bandicota indica* yang berukuran besar (BK 210 – 345 mm, KB 50 – 70 mm) dan *Bandicota bengalensis* yang berukuran lebih kecil (BK 160 – 250 mm, KB 30 – 44 mm) (Murbaeti *et al.*, 2011).

Tikus dapat menularkan penyakit *murinae*, *pes*, *leptospirosis*, *salmonellosis*, radang paru, diare darah, *gastritis* akibat parasit dan radang otak (Wahyudi, 2009). Penyakit tersebut dapat ditularkan melalui beberapa cara yaitu melalui makanan (*foodborne disease*), air (*waterborne disease*), ludah, urin, feses, gigitan, endoparasit, kelompok virus, cacing, protozoa, bakteri atau melalui gigitan ektoparasitnya (Komariyah *et al.*, 2010). Salah satu bakteri yang berada di dalam tubuh tikus yaitu organ limfa adalah *Bartonella* sp. (Kim *et al.*, 2005).

Program pemerintah dalam upaya menangani pemberantasan tikus belum 100% efektif. Hal ini disebabkan karena kurangnya informasi daerah berisiko tinggi yang harus menjadi prioritas penanganan tikus yang lebih cepat menyebar. Pencegahan terjadinya infeksi adalah langkah awal melalui data wilayah resiko penularan infeksi. Data distribusi penyakit spesifik dapat mempersiapkan masyarakat dalam menghadapi resiko penyakit menular.

Berdasarkan uraian diatas, penelitian identifikasi bakteri pada tikus wirok (*Bandicota* sp.) berdasarkan sekuen gen 16S rRNA. Penelitian ini sangat penting sebagai upaya pencegahan infeksi dilakukan dalam rangka mendukung kesehatan masyarakat. Melalui data resiko mikroorganisme yang terdapat didalam limfa tikus wirok (*Bandicota* sp.) diharapkan pemerintah dan masyarakat lebih waspada dan perhatian dalam mencegah terjadinya epidemik di daerah tinggi resiko infeksi zoonosis. Penelitian ini menggunakan identifikasi secara mikrobiologi konvensional dan biologi molekuler. Identifikasi mikrobiologi konvensional bertujuan untuk mengisolasi bakteri tersebut dan dilanjutkan dengan identifikasi molekuler yaitu menggunakan gen 16S rRNA. Gen 16S rRNA merupakan salah satu gen yang dikarakterisasi dengan baik sehingga dapat digunakan dalam identifikasi mikroorganisme. *Database NCBI (National Center for Biotechnology Information)* serta *RDP (Ribosomal Database Project)* menyediakan ribuan sekuen dari berbagai isolat klinis dan dari lingkungan (Amman, 1995).

METODE

Obyek penelitian ini adalah bakteri pada organ limfa tikus wirok (*Bandicota* sp.). Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Mikrobiologi dan Biologi Molekuler Universitas



Muhammadiyah Semarang. Metode yang digunakan adalah metode Konvensional Mikrobiologi dan Biologi Molekuler berbasis Sekuens Gen 16S rRNA.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Gambar 1.
Peta Wilayah *Trapping* Tikus Wirok (*Bandicota sp.*)



Sumber: Dokumentasi pribadi

Proses *trapping* dilakukan di Perumahan Kini Jaya, RT 09 RW 04, Kedungmundu, Kecamatan Tembalang, Kota Semarang. 34 Perangkap yang telah ditempatkan dibeberapa titik wilayah berhasil menangkap 9 ekor tikus. 9 sampel tikus wirok yang berhasil ditangkap, di seleksi secara acak dan di pilih 5 ekor tikus sebagai sampel penelitian. Sampel Tikus dilakukan pembedahan dan di ambil organ limfa. Sampel limfa di haluskan dan di masukkan kedalam media BHI cair dan diinkubasi selama 3 jam dengan suhu 37°C dan dilanjutkan kultru ada media MC dan BAP.

Isolasi Bakteri

Isolasi merupakan proses pemindahan pertumbuhan mikroorganismE dari habitat asli ke habitat baru untuk dikembangkan. Dari hasil isolasi bakteri didapatkan 8 koloni murni dengan kode isolat B1LB, B2LB, B3LB, B4LB, B5LB, B1LM, B3LM, dan B5LM.

Pewarnaan Gram Isolat Bakteri

Hasil pawarnaan gram dari 8 isolat bakteri , isolat bakteri dengan kode B2LB, B3LB, B4LB, B1LM, B5LM termasuk kelompok *Coccus* Gram Positif, isolat bakteri dengan kode B5LB dan B3LM termasuk kelompok *Coccobacil* Gram Negatif, isolat bakteri dengan kode B1LB termasuk kelompok *Bacil* Gram-negatif.

Tabel 1.
Pewarnaan Gram Isolat Bakteri

No.	Kode sampel	Pengecatan Gram
1.	B1LB	<i>Bacil</i> Gram negatif bergerombol
2.	B2LB	<i>Coccus</i> Gram positif bergerombol
3.	B3LB	<i>Coccus</i> Gram positif bergerombol
4.	B4LB	<i>Coccus</i> Gram positif bergerombol



- | | | |
|----|------|--|
| 5. | B5LB | <i>Coccobacil</i> Gram negatif bergerombol |
| 6. | B1LM | <i>Coccus</i> Gram positif bergerombol |
| 7. | B3LM | <i>Coccobacil</i> Gram negatif bergerombol |
| 8. | B5LM | <i>Coccus</i> Gram positif bergerombol |

Uji Katalase dan Uji Oksidase

Hasil uji katalase dari 8 isolat bakteri, 8 isolat bakteri dengan kode B1LB, B2LB, B3LB, B4LB, B5LB, B1LM, B3LM, dan B5LM memiliki hasil uji katalase Positif.

Hasil uji oksidase dari 8 isolat bakteri, 6 isolat bakteri dengan kode B2LB, B3LB, B4LB, B5LB, B1LM, dan B3LM memiliki hasil uji oksidase Negatif, 3 isolat bakteri dengan kode B1LB dan B5LM memiliki hasil uji oksidase Positif. 8 koloni isolat bakteri dilakukan penyeleksian dan dipilih 4 koloni yaitu B2LB (1L), B3LB (2L), B4LB (3L), dan B5LM (4L).

Tabel 2.
Hasil Uji Katalase dan Uji Oksidase

Kode sampel	Uji Katalase	Uji Oksidase
B1LB	Positif	Positif
B2LB	Positif	Negatif
B3LB	Positif	Negatif
B4LB	Positif	Negatif
B5LB	Positif	Negatif
B1LM	Positif	Negatif
B3LM	Positif	Negatif
B5LM	Positif	Positif

Uji Koagulase

Hasil uji koagulase dari 4 isolat bakteri, 4 isolat bakteri dengan kode 1L, 2L, 3L, dan 4L, memiliki hasil uji koagulasi Negatif.

Tabel 3.
Hasil Uji Koagulase.

No.	Isolat	Uji Koagulase
1.	1L	Negatif
2.	2L	Negatif
3.	3L	Negatif
4.	4L	Negatif

Uji Novobiosin

Hasil uji novobiosin dari 4 isolat bakteri, 3 isolat bakteri dengan kode 1L, 2L, dan 3L, memiliki hasil uji novobiosin Sensitif. 1 isolat bakteri dengan kode 4L memiliki hasil uji novobiosin Resisten.

Tabel 4.
Hasil Uji Novobiosin

No.	Koloni	Uji Novobiosin
1.	1L	27 mm (Sensitif)



2.	2L	19 mm (Sensitif)
3.	3L	31 mm (Sensitif)
4.	4L	11 mm (Resisten)

Uji MSA

Hasil uji MSA dari 4 isolat bakteri, 2 isolat bakteri dengan kode 1L, dan 3L, memiliki hasil uji MSA Negatif. 2 isolat bakteri dengan kode 2L dan 4L memiliki hasil uji MSA Positif.

Tabel 5.
Hasil Uji MSA

No.	Koloni	Uji MSA
1.	1L	Negatif
2.	2L	Positif
3.	3L	Negatif
4.	4L	Positif

Uji Kemurnian DNA isolat Bakteri

Hasil pengukuran Uji kemurniaaan DNA dapat dilihat pada Tabel 6.

Tabel 6.
Hasil Uji kemurnian DNA

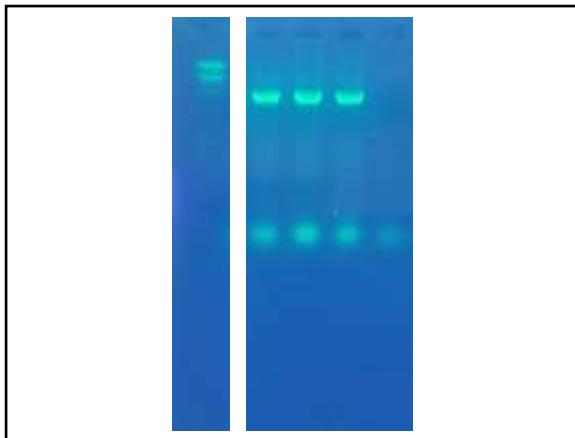
Sampel ID	Nucleic Acid Conc.	A260/A280	Unit
1L	427.7	1,64	ng/ μ l
2L	35	1,88	ng/ μ l
3L	1.3	-1,55	ng/ μ l
4L	517.5	1,61	ng/ μ l

Pada penelitian ini didapatkan 1 DNA murni dengan nilai rasio OD260./280 lebih dari 1,80 tertapi tidak mencapai 2,0 yaitu 1,88 Ng/ μ l dari isolat bakteri 2L dan 3 nilai rasio OD260/280 kurang dari 1.80. 3 nilai diwabah 1.80 yaitu 1L (1,64 Ng/ μ l), 3L (-1,55 Ng/ μ l), 4L (1,61 Ng/ μ l).

Amplifikasi Fragmen Gen 16S rRNA metode PCR

Gambar 2.

Hasil Elektroforesis Hasil PCR (Marker, 1L, 2L, 4L, dan 3L)



Sumber: Dokumen Pribadi

Berdasarkan hasil elektroforesis PCR didapatkan 3 untai ganda DNA yang sejajar dengan marker ± 1500 bp sejajar dengan produk amplifikasi gen 16S rRNA isolat bakteri 1L, 2L, dan 4L. Sedangkan pada isolat bakteri 3L setelah dicoba PCR sebanyak 2 kali dengan volume DNA yang berbeda, tidak terdapat pita (*band*) pada *well*. Faktor yang mempengaruhi ketidakmunculan *band* pada *well* adalah kemurnian yang sangat kecil sehingga tidak terbaca saat proses *running* PCR, terlalu banyak atau terlalu sedikit volume DNA. Pola bayangan *smear* dibawah pita DNA dapat diartikan adanya kontaminasi RNA pada sampel. Tidak adanya pola bayangan *smear* dibawah pita DNA menunjukkan hasil isolasi DNA yang baik. Kesalahan selanjutnya dapat terjadi karena tidak tepatnya jumlah konsentrasi pereaksi dan tidak tepatnya pengaturan suhu dan waktu pada proses PCR, adanya zat atau metabolit sekunder yang tidak tercuci sempurna, akibatnya terjadi kontaminan dalam analisis berikutnya (Sauer, 1998).

Hasil visualisasi fragmen 1L, 2L, dan 4L memperlihatkan fragmen dapat teramplifikasi dengan baik, ditandai dengan adanya *band* yang jelas pada hasil elektroforesis, sehingga isolat bakteri 1L, 2L, dan 4L dapat dilanjutkan ketahap selanjutnya yaitu sekruensi.

Sekruensi DNA Pengkode Gen 16S rRNA

Panjang sekruensi yang diperoleh pada proses sekruensi pada isolat DNA bakteri 1L adalah 1293 bp, isolat DNA bakteri 2L adalah 1242 bp, dan isolat DNA bakteri 4L adalah 1448 bp. Hasil Proses sekruensi yang dilakukan oleh macroGen Korea Selatan adalah berupa urutan nukleotida gen 16S rRNA. Analisis BLAST dilakukan terhadap urutan nukleotida gen 16S rRNA secara online melalui <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Hasil BLAST menunjukkan tingkat kemiripan urutan nukleotida isolat yang diperoleh dengan urutan nukleotida gen 16S rRNA bakteri yang telah terdaftar di *GenBank*. Dari hasil pensemajaran sekruensi dengan BLAST (*Basic Alignment Search Tool*) diketahui fragmen gen 16S rRNA strain 1L memiliki tingkat kemiripan 92% dan 4L memiliki tingkat kemiripan 95% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Klebsiella quasipneumoniae* strain ATCC 700603, L2 memiliki tingkat kemiripan 87% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Staphylococcus* sp. A3 patrial 16S rRNA gene strain A3.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui spesies bakteri yang ada pada limfa tikus wirok dengan analisis Gen 16S rRNA. Penelitian dimulai dengan proses *trapping* untuk memperoleh sampel tikus wirok. Tikus wirok yang telah didapat dilakukan pembedahan dan diambil organ limfa sebagai sampel. Sampel limfa di lakukan proses kultrur pada media MC dan BAP. koloni yang tumbuh pada media dilakukan pengamatan koloni, pewarnaan gram,



uji katalase dan uji oksidase. Dilakukan penyeleksian isolat untuk dilanjutkan ketahap Uji Isolasi DNA. isolat terpilih dilakukan uji Koagulase, uji Novobiosin dan uji MSA sebagai penegas untuk dugaan spesies bakteri yang diidentifikasi secara mikrobiologi konvensional.

Kemurnian DNA di ketahui melalui uji Kualitas dan Kuantitas DNA menggunakan *Spektrofotometer*. Pada penelitian ini didapatkan 1 DNA murni dengan nilai rasio OD260./280 lebih dari 1,80 tertapi tidak mencapai 2,0 yaitu L2 (1,88 Ng/μl) dan 3 nilai rasio OD260/280 kurang dari 1.80. 3 nilai diwabah 1.80 yaitu 1L (1,64 Ng/μl), 3L (-1,55 Ng/μl), 4L (1,61 Ng/μl). menunjukan adanya kemungkinan DNA masih terkontaminasi dengan protein. Tingkat kemurnian diatas 2.0 menunjukan sampel DNA tidak murni karena adanya sisa-sisa etanol dan sisa kandungan metabolit sekunder bakteri. Namun, visualisasi pada DNA masih menunjukan pita yang tebal, maka DNA dapat digunakan sebagai *template* (Sharma, 2008).

DNA yang telah diisolasi dari isloat bakteri digunakan sebagai *Template* untuk mengamplifikasi gen 16S rRNA dengan metode PCR menggunakan primer universal untuk gen 16S rRNA. Hasil amplifikasi dilakukan elektroforesis dengan *gel agarose* 2%, Presentase kandungan *agarose* yang digunakan adalah 2% dengan tujuan agar molekul DNA dapat menuruni *well* pada *gel agarose*. Hasil elektroforesis divisualisasikan menggunakan UV *Transiluminator*. Panjang pita DNA pada elektroforesis diukur dengan standart basepair. Hasil pita DNA berada tepat di 1500 bp. Spesies bakteri dapat dilihat melalui proses Sekuensing DNA (Rinanda, 2011; Ethica *et al.*, 2014).

Hasil sekuensing yang telah dilakukan oleh PT. MacroGen Korea Selatan adalah berupa urutan nukleutida gen 16S rRNA. Urutan nukleutida dianalisis melalui situs online <http://blast.ncbi.gov/Blast.cgi>. Hasil pencejajaran sekuens dengan BLAST (*Basic Alignment Search Tool*) diketahui fragmen gen 16S rRNA strain 1L memiliki tingkat kemiripan 92% dan 4L memiliki tingkat kemiripan 95% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Klebsiella quasipneumoniae* strain ATCC 700603, L2 memiliki tingkat kemiripan 87% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Staphylococcus* sp. A3 *patrial* 16S rRNA gene strain A3. Presentase kemiripan 99% dari siolat bakteri dengan data *genebank* mengindikasikan bahwa isolat dianggap sebagai spesies yang sama. Sedangkan Homologi $\geq 97\%$ dari siolat bakteri dengan data *genebank* dapat dinyatakan bahwa isolat yang dibandingkan berada pada *genus* yang sama antara 89-93% dari siolat bakteri dengan data *genebank* menunjukan famili yang berbeda.

Berdasarkan kajian pustaka, *Klebsiella* dinamai oleh mikrobiologis Jerman-Swiss Edwin Klebs (1834-1913). Anggota genus *Klebsiella* adalah bagian dari flora normal hidung, mulut, usus manusia dan hewan. Semua spesies *Klebsiella* bersifat gram negatif dan motil negatif. *Klebsiella* cenderung lebih pendek dan lebih tebal jika dibandingkan dengan bakteri lain dalam keluarga *Enterobacteriaceae*. Sel-sel *Klebsiella* berukuran 0,3 hingga 1,5 μm dengan panjang 0,5 hingga 5,0 μm . *Klebsiella* dapat ditemukan soliter, dalam rantai atau terhubung ujung ke ujung. *Klebsiella* mampu tumbuh pada media biasa dan tidak memiliki persyaratan pertumbuhan khusus, seperti anggota *Enterobacteriaceae* lainnya. *Klebsiella* bersifat *aerob* tetapi *anaerob fakultatif*. Suhu pertumbuhan ideal *Klebsiella* adalah 35 ° hingga 37 ° C, dengan tingkat pH ideal yaitu sekitar 7,2 (Brisse *et al.*, 2006).

Klebsiella pneumoniae diakui sebagai ancaman mendesak bagi kesehatan manusia karena munculnya *Klebsiella pneumoniae* jenis dapat mengakibatkan *hipervirulen* dan resisten multi-obat yang terkait dengan infeksi yang didapatkan dimasyarakat dan *nosokomial* (rumah sakit). Spesies *Klebsiella pneumoniae* sebelumnya diklasifikasikan mengandung tiga kelompok filogen, yaitu, KpI, KpII, dan KpIII (Brisse *et al.*, 2001).



Klebsiella quasipneumoniae dengan nama subspecies *similipneumoniae* strain ATCC 700603, sebelumnya dikenal sebagai *Klebsiella pneumoniae* K6, dikenal dapat menghasilkan enzim spektrum β -laktamase (ESBL) yang dapat menghidrolisis oxyimino- β -laktam, yang dapat menyebabkan resistensi terhadap obat-obatan. *Klebsiella pneumoniae* adalah bakteri patogen oportunistik umum yang dapat menginfeksi tanaman, hewan, dan manusia (Rosenblueth *et al.*, 2006).

Staphylococcus sp. bersifat Gram-positif berbentuk *coccus* yang tersusun dalam rangkaian tidak beraturan dan terdapat garis tengah dengan ukuran 1 μ m. *Staphylococcus* sp. tidak bergerak serta tidak mampu membentuk spora. (Soedarmo *et al.*, 2008). *Staphylococcus* sp. adalah flora normal yang berada di kulit manusia, saluran pencernaan dan pernapasan. *Staphylococcus* sp. bersifat patogenik karena mempunyai enzim ekstraseluler, toksin, dan sifat invasif strain (Greenwood *et al.*, 2007). *Staphylococcus* sp. dapat menimbulkan infeksi bernalah yang menyerang semua kelompok usia dan orang yangdaya tahan tubuhnya menurun. *Staphylococcus* sp. mampu tumbuh dalam keadaan aerobik atau mikroaerofilik. *Staphylococcus* sp. dapat tumbuh pada suhu 37°C. *Staphylococcus* sp. dapat menyebabkan penyakit melalui kemampuannya berkembang biak dan menyebar luas dalam jaringan melalui pembentukan berbagai enzim ekstraseluler (Jawetz *et al*, 2007).

Berdasarkan hasil penelitian dan data literatur yang diperoleh, dapat dikatakan bahwa strain 1L, 2L, dan 4L merupakan strain bakteri yang potensial sebagai sumber infeksi zoonosis yang bisa menyerang hewan dan manusia.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan pada sampel isolat bakteri L1, L2, L3, dan L4 pada limfa tikus (*Bandicota* sp.), didapatkan kesimpulan yaitu, berdasarkan hasil pencejajaran sekuens dengan BLAST (*Basic Alignment Search Tool*) diketahui fragmen gen 16S rRNA strain 1L memiliki tingkat kemiripan 92% dan 4L memiliki tingkat kemiripan 95% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Klebsiella quasipneumoniae* strain ATCC 700603, L2 memiliki tingkat kemiripan 87% dengan fragmen gen 16S rRNA isolat bakteri *Staphylococcus* sp. A3 *patrial* 16S rRNA gene strain A3.

DAFTAR PUSTAKA

- Amman RI, Ludwig W, Schleifer KH. Phylogenetic Identification and In Situ Detection of Individual Microbial Cells without Cultivation. *Microbiol Rev*. 1995; 59(1): 143-69.
- Brisse S, Verhoef J. 2001. Phylogenetic diversity of *Klebsiella pneumoniae* and *Klebsiella oxytoca* clinical isolates revealed by randomly amplified polymorphic DNA, *gyrA* and *parC* genes sequencing and automated ribotyping. *Int J Syst Evol Microbiol* 51:915–924. doi:10.1099/00207713-51-3-915. [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
- Brisse S, Grimont F, Grimont PD (2006). Prokaryotes. New York, NY: Springer New York. pp. 159–196.
- Ethica, S.N., Nataningtyas, D.R., Lestari, P., Istini. I., Semiarti. E., Widada. J. And Rahajo, T.J., 2013. Comparative Evaluation of Conventional Versus Rapid Methods for Amfliable Genomic DNA Isolation of Cultured *Azospirillum* sp. JG3. *Indonesian Journal of Chemistry*, 13(3), pp.28-253.
- Greenwood, D., Slack, R., Peutherer, J. and Barer, M. 2007. Medical Microbiology. Elsevier, China.
- Hoque MM, Sanchez FF, Benigno EA. Rodent problem in selected countries in Southeast Asia and Island in the Pacific. Rodent-Pest management. 1988; 9: 85-99.



- Jawetz; Melnick; dan Adelberg's. 2008. Mikrobiologi Kedokteran. Salemba Medika. Jakarta.
- Kim CM, Kim JY, Yi YH, Lee MJ, et al. Detection of *Bartonella* species from ticks, mites and small mammals in Korea. *J Vet Sci* 2005; 6:327–334.
- Komariah, Pratita S, Malaka T. Pengendalian vektor. moncong, jumlah dan susunan gigi, ukuran ekor, Jurnal Kesehatan Bina Husada. 2010; 6 (1): 34-43.
- Lamas C, Favacho A, Ramos RG, Santos MS, Ferraiuoli GI, Weksler C, Rozental T, Bóia MN, Lemos ERS 2006. *Bartonella* endocarditis: the first Brazilian case alive and well. *Braz J Infect Dis* 11: 591-594.
- Marbawati D, Ismanto H. Identifikasi Tikus (Hasil Pelatihan Di Laboratorium Mamalia Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia, Jakarta). Balaba Vol. 7, No. 02, Des 2011 : 46-48.
- Rosenblueth M, Martínez-Romero E. 2006. Bacterial endophytes and their interactions with hosts. *Mol Plant Microbe Interact MPMI* 19:827–837. doi:10.1094/MPMI-19-0827. [PubMed] [CrossRef] [Google Scholar]
- Sharma K, Mishra AK, Misra RS. 2008. A simple and efficient method for extraction of genomic DNA from tropical tuber crops. *Afr. J. Biotechnol* 7(8): 1018-1022.
- Soedarmo, S. S., Garna, H., Hadinegoro, S. R., Satari, H. I., 2008, Buku Ajar Infeksi & Pediatrik Tropis, Edisi ke-2, Jakarta: IDAI.
- Wahyudi, S.D.R.H. 2009. Apa itu flu babi. Situs Komunitas Dokter Hewan Indonesia Veterinarian Community. www.blogdokter.net/ 2009/06/27 [28 April 2009].
- Widodo, A.Y. 2008. Strategi menghadapi abad zoonosis (21 April 2009).

