

RINGKASAN

Selulase merupakan kelompok enzim ekstraseluler yang berperan dalam degradasi selulosa. Produksi selulase oleh mikroorganisme seperti bakteri selulolitik diketahui lebih efisien. Habitat bakteri selulolitik sangat beragam, dari tanah terestrial hingga daerah perairan. Hal tersebut memberikan peluang besar untuk dilakukan eksplorasi, salah satunya di lingkungan perairan yang sifatnya lebih dinamis dibandingkan dengan lingkungan terestrial. Daerah Aliran Sungai (DAS) Logawa telah dimanfaatkan secara intensif oleh masyarakat sekitar, seperti pembuangan limbah domestik, penambangan batu dan pasir, serta kegiatan peternakan dan pertanian yang dapat mempengaruhi kandungan bahan organik di aliran sungai maupun di sekitar aliran sungai. Penelitian terkait bakteri selulolitik dari DAS Logawa belum pernah dilaporkan sebelumnya, oleh karena itu, isolasi dan identifikasi bakteri selulolitik di DAS Logawa perlu dilakukan untuk mengetahui potensi bakteri penghasil selulase. Identifikasi bakteri selulolitik berdasarkan gen 16S rRNA diketahui lebih efektif karena akurasi yang lebih tinggi serta dapat mengidentifikasi hingga tingkat spesies. Tujuan dari penelitian ini yaitu mengetahui aktivitas selulolitik isolat bakteri asal DAS Logawa dan mengidentifikasi bakteri dengan aktivitas selulolitik tertinggi berdasarkan gen 16S rRNA.

Penelitian ini dilakukan dengan metode survei. Pengambilan sampel dilakukan di tiga titik lokasi di DAS Logawa dan berlangsung pada Bulan Juli 2024 dan Februari 2025. Sampel yang diambil terdiri dari sampel sedimen, serasah, dan air. Tahapan penelitian yang dilakukan terdiri dari isolasi, pemurnian, skrining bakteri selulolitik, identifikasi molekuler bakteri dengan aktivitas selulolitik tertinggi, serta karakterisasi morfologi, fisiologis, dan biokimia pada bakteri dengan aktivitas selulolitik tertinggi sebagai konfirmasi hasil identifikasi molekuler. Variabel bebas pada penelitian ini yaitu isolat bakteri asal DAS Logawa. Variabel terikat pada penelitian ini yaitu aktivitas selulolitik bakteri. Parameter utama yang diamati yaitu indeks selulolitik dan presentase similaritas tertinggi sekuens gen isolat terpilih terhadap sekuens pembanding. Parameter pendukung yaitu karakteristik morfologi, fisiologi, dan biokimia dari isolat bakteri dengan aktivitas selulolitik tertinggi. Data indeks selulolitik dan karakteristik fenetik yang diperoleh dianalisis secara deskriptif. Sekuens bakteri dengan aktivitas selulolitik tertinggi dianalisis dan dibandingkan dengan basis data pada webserver *EzBioCloud* untuk mengetahui kekerabatan dan identitas isolat.

Sebanyak 24 isolat bakteri berhasil diisolasi dari kawasan DAS Logawa menggunakan medium *Reasoner's 2A* dengan pematat *gellan gum*. Hasil skrining selulolitik pada medium R2A-CMC menunjukkan bahwa empat isolat memiliki aktivitas selulolitik. Aktivitas selulolitik tertinggi ditunjukkan oleh isolat SRT1, dengan indeks selulolitik sebesar 7,34. Hasil identifikasi molekuler berdasarkan sekuens gen 16S rRNA menunjukkan isolat SRT1 termasuk anggota genus *Chitinophaga* dengan presentase similaritas 97,84% terhadap spesies *Chitinophaga silvisoli* strain K20C18050901^T. Hal tersebut dikonfirmasi dengan hasil karakterisasi fenotipik meliputi pengamatan morfologi, uji fisiologis, dan uji biokimia.

Kata kunci: *bakteri selulolitik, DAS Logawa, gen 16S rRNA, identifikasi molekuler, isolasi.*

SUMMARY

Cellulase is a group of extracellular enzymes that play an important role in the degradation of cellulose. Cellulase production by microorganisms such as cellulolytic bacteria is known to be more efficient. Cellulolytic bacteria can be found in diverse habitats, from terrestrial to aquatic ecosystems. This ecological diversity provides significant opportunities for exploration, especially in aquatic environments, which tend to be more dynamic than terrestrial environment. The Logawa Watershed (DAS Logawa) has been intensively utilized by the local community, such as domestic waste disposal, stone and sand mining, livestock farming, and agricultural activities. These activities may affect the organic matter content in both the river and surrounding areas. Research on cellulolytic bacteria from the Logawa watershed has not been reported, therefore, the isolation and identification of cellulolytic bacteria from Logawa watershed is needed to determine the potential of cellulase-producing bacteria. Identification of cellulolytic bacteria using the 16S rRNA gene is considered more effective due to its high accuracy and allows to classify bacteria down to the species level. This research aimed to determine the cellulolytic activity of bacterial isolates from the Logawa watershed and to identify the isolate with the highest cellulolytic activity based on the 16S rRNA gene.

This research was conducted using a survey method. Sampling was conducted at three point locations in the Logawa watershed in July 2024 and February 2025. The samples collected consisted of sediment, litter, and water samples. The research steps included bacterial isolation and purification, screening of cellulolytic bacteria, molecular identification of the isolate with the highest cellulolytic activity, and morphological, physiological, and biochemical characterization of the selected isolate as a confirmation of the molecular identification results. The independent variable in this study was bacterial isolates from the Logawa watershed, while the dependent variable was their cellulolytic activity. The main parameters observed were the cellulolytic index and the highest similarity percentage of the selected isolate gene sequences to reference sequences. Supporting parameters included morphological, physiological, and biochemical characteristics of the isolate with the highest cellulolytic activity. The cellulolytic index and phenetic characteristics were analyzed descriptively. The bacterial sequences with the highest cellulolytic activity were analyzed and compared with the database on the EzBioCloud webserver to determine the relatedness and identify the isolate.

A total of 24 bacterial isolates were successfully isolated from the Logawa watershed using Reasoner's 2A medium solidified with gellan gum. Qualitative screening of cellulolytic activity on R2A-CMC medium observed that four isolates showed cellulolytic activity. The highest cellulolytic activity was shown by SRT1 isolate, with cellulolytic index of 7.34. Molecular identification based on the 16S rRNA gene sequence revealed that SRT1 belongs to the genus *Chitinophaga*, showing 97.84% similarity to *Chitinophaga silvisoli* strain K20C18050901^T which was confirmed based on phenotypic characterization including, morphological, physiological, and biochemical assays.

Keywords: *16S rRNA gene, cellulolytic bacteria, DAS Logawa, isolation, molecular identification.*