

## ABSTRAK

Ikan nila (*Oreochromis niloticus*) merupakan salah satu sumber daya perikanan air tawar utama yang mendukung ketahanan pangan di Indonesia sebagai komoditas produksi terbesar kedua setelah Sragen dan Klaten. Namun, budidaya ikan nila sering mengalami kendala akibat infeksi bakteri patogen. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies bakteri patogen yang menginfeksi ikan nila Banjarnegara melalui analisis gen 16S rDNA. Sampel diambil secara *purposive sampling* dari Kabupaten Banjarnegara dan Purwanegara. Sampel ikan sakit dibawa ke laboratorium untuk pengamatan gejala, isolasi bakteri, dan uji *postulat koch*. DNA diekstraksi dari isolat bakteri dari hati dan ginjal kemudian dianalisis melalui amplifikasi gen 16S rDNA dilanjutkan dengan identifikasi menggunakan analisa BLAST dan analisis filogenetik. Gejala klinis yang diamati meliputi erosi sirip; hilangnya sisik; *cloudy eyes*; kulit menggelap; bercak putih pada operkulum, bercak putih sepanjang linea lateralis, dan nekrosis pada limpa; serta hati berwarna kehijauan. Berdasarkan analisis molekuler, lima isolat dari kedua lokasi diidentifikasi sebagai bakteri patogen, khususnya *Aeromonas veronii* (99,31%), *Enterobacter mori* (99,72%), *Citrobacter freundii* (99,86%), *Acinetobacter* sp. (99,72%), dan *Escherichia coli* (100%) sebagai patogen bakteri sekunder. Infeksi multipatogen pada satu ikan menunjukkan bahwa ikan tersebut terpapar berbagai bakteri oportunistik dan patogen yang dapat hidup bersama dalam satu inang, umumnya terjadi dalam kondisi lingkungan yang tidak mendukung.

**Kata kunci:** Ikan nila, bakteri patogen, gen 16S rDNA, Banjarnegara, identifikasi molekuler.

## ABSTRACT

Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) is one of the main freshwater fishery resources that supports food security in Indonesia as the second largest production commodity after Sragen and Klaten. However, tilapia cultivation often experiences obstacles due to pathogenic bacterial infections. This study aims to identify the pathogenic bacterial species that infect Banjarnegara tilapia through 16S rDNA gene analysis. Samples were taken randomly. *Purposive sampling* from Banjarnegara and Purwanegara Regencies. Samples of sick fish were taken to the laboratory for symptom observation, bacterial isolation, and testing *postulate koch*. DNA was extracted from bacterial isolates from the liver and kidneys and then analyzed through 16S rDNA gene amplification followed by identification using BLAST and phylogenetic analysis. Clinical symptoms observed included fin erosion; loss of scales; *cloudy eyes*; darkened skin; white spots on the operculum, white spots along the linea lateralis, and necrosis in the spleen; and a greenish liver. Based on molecular analysis, five isolates from both locations were identified as pathogenic bacteria, specifically *Aeromonas veronii* (99,31%), *Enterobacter mori* (99,72%), *Citrobacter freundii* (99,86%), *Acinetobacter* sp. (99.72%), and *Escherichia coli* (100%) as secondary bacterial pathogens. Multipathogenic infections in a single fish indicate that the fish is exposed to a variety of opportunistic and pathogenic bacteria that can coexist in a single host, generally occurring under unfavorable environmental conditions.

**Keywords:** Tilapia, pathogenic bacteria, 16S rDNA gene, Banjarnegara, molecular identification.

