

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar belakang

Ikan bandeng (*Chanos chanos* Forsskal, 1775) merupakan salah satu komoditas perikanan bernilai ekonomis penting di Indonesia yang dikembangkan baik melalui budidaya maupun dimanfaatkan dari tangkapan alam. Komposisi mikrobiom usus pada ikan memiliki peran signifikan terhadap kesehatan, pencernaan, dan pertumbuhan ikan serta dapat dipengaruhi oleh lingkungan habitat dan metode pemeliharaan. Studi inventarisasi bakteri potensial dari saluran pencernaan ikan bandeng menunjukkan keberadaan bakteri yang berasosiasi dalam usus yang memiliki potensi sebagai probiotik. Hal ini menunjukkan bahwa mikrobiom usus tidak hanya beragam tetapi juga berperan dalam dukungan fisiologis inang (Kanika *et al.*, 2025). Hasil ini menunjukkan pentingnya mengetahui komposisi mikrobiom usus sebagai dasar untuk membandingkan kondisi biologis ikan dari berbagai sumber.

Perbandingan komposisi mikrobiom antara ikan yang dibudidayakan dan yang diperoleh dari alam menunjukkan adanya variasi signifikan yang dipengaruhi oleh perbedaan habitat dan sumber pakan. Meskipun literatur spesifik tentang mikrobiom usus ikan bandeng yang dibahas melalui metode *Next Generation Sequencing* (NGS) di Indonesia masih terbatas, penelitian global pada benih ikan bandeng menunjukkan perbedaan komposisi dan keanekaragaman bakteri usus antara individu yang berasal dari *hatchery* dan yang ditangkap di alam. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa habitat dan metode pemeliharaan memengaruhi dominasi takson mikroba tertentu (Silvederio *et al.*, 2025). Hasil temuan semacam ini menegaskan bahwa studi mikrobiom usus dengan pendekatan NGS dapat memberikan wawasan yang lebih komprehensif tentang ekologi mikroba inang dan integrasinya dalam sistem budidaya. Hal ini sejalan dengan pengaplikasiannya pada bidang biologi seperti pengembangan probiotik (Tan *et al.*, 2019).

Pemanfaatan teknologi tinggi seperti NGS dalam penelitian mikrobiom memungkinkan analisis taksonomi dan fungsional komunitas mikroba usus dengan

kedalaman yang tinggi, yang jauh melampaui metode isolasi bakteri tradisional. Pendekatan ini lebih unggul dibanding kultur konvensional karena dapat mendeteksi hingga lebih dari 90% mikrobiom yang tidak dapat dikultur (*unculturable*) serta memetakan biomarker spesifik. Oleh sebab itu, metode ini dapat mendukung pengembangan probiotik indigenus, optimalisasi formulasi pakan, dan seleksi benih berkualitas tinggi untuk budidaya berkelanjutan di masa yang akan datang (Gallo *et al.*, 2020). Teknologi NGS memungkinkan untuk menganalisis genetik hubungan antara inang dengan patogen sehingga memudahkan dalam pengembangan probiotik berkelanjutan (Tan *et al.*, 2019). Variasi kondisi lingkungan budidaya di tambak dan daerah pantai cukup tinggi sehingga pendekatan metagenomik ini diperlukan untuk mengungkap perbedaan komposisi, keragaman, dan potensi fungsi mikroba yang beradaptasi di masing-masing kondisi sehingga dapat memberikan rekomendasi praktis bagi budidaya berkelanjutan dan kesehatan ikan bandeng.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang dan tujuan penelitian yang telah diuraikan, maka rumusan masalahnya adalah sebagai berikut ini:

1. Bagaimana perbedaan komposisi mikrobiom usus pada benih ikan bandeng (*C. chanos*) hasil budidaya dan hasil tangkapan alam berdasarkan analisis DNA dengan pendekatan metode *Next Generation Sequencing* (NGS)?
2. Bakteri apa saja yang mendominasi mikrobiom usus pada benih ikan bandeng hasil budidaya dan hasil tangkapan alam, serta bagaimana perbedaannya?
3. Apakah perbedaan lingkungan hidup antara sistem budidaya dan habitat alami berpengaruh terhadap variasi komposisi, keanekaragaman, dan dominasi mikrobiom usus benih ikan bandeng?

1.3 Tujuan

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui dan membandingkan komposisi mikrobiom usus pada benih ikan bandeng (*C. chanos*) hasil budidaya dan hasil tangkapan alam dengan menggunakan metode *Next Generation Sequencing*.

1.4 Manfaat

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan manfaat ilmiah berupa informasi dan pemahaman mengenai perbedaan komposisi, keanekaragaman, dan dominasi mikrobiom usus pada benih ikan bandeng (*C. chanos*) hasil budidaya dan hasil tangkapan alam. Hasil penelitian ini dapat menjadi dasar pengembangan strategi pengelolaan kesehatan ikan, khususnya dalam pemilihan benih dan penerapan manajemen budidaya yang lebih baik melalui pemanfaatan mikrobiom usus. Selain itu, penelitian ini juga diharapkan dapat menjadi referensi dan bahan rujukan bagi peneliti, mahasiswa, serta praktisi perikanan dalam pengembangan teknologi budidaya ikan bandeng berbasis pendekatan mikrobiom.

1.5 Ruang Lingkup

Ruang lingkup penelitian ini terbatas pada analisis mikrobiom usus benih ikan bandeng (*C. chanos*) yang berasal dari hasil budidaya dan hasil tangkapan alam. Sampel yang digunakan adalah usus bagian tengah ikan bandeng dengan jumlah masing-masing empat ekor dari sumber budidaya dan empat ekor dari tangkapan alam. Analisis mikrobiom dilakukan menggunakan metode NGS dengan fokus pengamatan hanya pada kelompok bakteri. Parameter yang dianalisis meliputi komposisi mikrobiom, tingkat keanekaragaman, dan dominasi mikrobiom usus. Penelitian ini tidak membahas aspek fisiologi ikan, kualitas air secara detail, maupun faktor genetik ikan, sehingga pembahasan difokuskan pada perbandingan mikrobiom usus berdasarkan perbedaan sumber dan lingkungan hidup benih ikan bandeng.

BAB II. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Ikan Bandeng (*Chanos chanos*)

Ikan bandeng merupakan komoditas perikanan utama di Indonesia dengan nilai konsumsi yang tinggi dan kontribusi ekonomis yang signifikan bagi masyarakat pesisir melalui budidaya tambak (Muhammad *et al.*, 2020). Ikan bandeng diklasifikasikan dalam kingdom Animalia, filum Chordata, kelas Osteichthyes, ordo Malacopterygii, famili Chanidae, dan genus *Chanos*. Ikan bandeng merupakan ikan herbivora yang menyukai pakan berbasis tumbuhan dan plankton. Sistem pencernaan ikan bandeng mengikuti pola makannya, mencakup mulut kecil tanpa gigi, esofagus, lambung, pilorus, serta usus panjang dan berliku-liku untuk memfasilitasi proses pencernaan serta penyerapan nutrisi yang optimal. Panjang usus ikan bandeng dipengaruhi oleh faktor-faktor seperti umur ikan, pola makan, dan kesehatan umum (Salam *et al.*, 2023).



Gambar 1. Ikan Bandeng (*Chanos chanos* Forsskal, 1775)

2.2 Mikrobiom Usus Ikan

Mikrobiom merupakan komunitas mikroorganisme beserta materi genetiknya yang hidup di dalam suatu organisme atau habitat tertentu. Mikrobiom berinteraksi satu sama lain dan juga dengan lingkungan sekitarnya dan inang (Diwan *et al.*, 2021). Penelitian mikrobiom usus ikan bertujuan untuk mengidentifikasi komposisi dan peran mikroba dalam mendukung pencernaan nutrisi, memperkuat imunitas melalui enzim pencernaan dan penghambatan patogen via kompetisi nutrisi serta metabolit antimikroba dari bakteri probiotik seperti asam laktat. Analisis ini dapat

memberikan manfaat melalui upaya peningkatan efisiensi pakan, pertumbuhan, homeostasis mikrobiota, dan ketahanan terhadap penyakit (Daten, 2025). Manfaat lainnya berupa optimalisasi kesehatan usus, produktivitas budidaya, dan pengembangan probiotik berkelanjutan. Mikrobiom dipengaruhi oleh faktor internal seperti spesies, umur, serta fisiologi usus, dan faktor eksternal berupa jenis pakan, kualitas air (pH, oksigen, amonia), salinitas, suhu, serta lingkungan budidaya yang dapat mengubah keanekaragaman dan dominansi mikrobiom secara signifikan (Diwan *et al.*, 2021). Jenis mikrobiom yang sering ditemukan pada usus ikan air payau seperti *Pseudomonas*, *Vibrio*, *Enterobacteriaceae* (Egerton *et al.*, 2018).

2.3 Next Generation Sequencing

Next Generation Sequencing (NGS) adalah teknologi sekuensing DNA modern yang mampu membaca jutaan hingga miliaran fragmen DNA secara paralel dalam waktu singkat dengan akurasi tinggi. Teknologi ini dikembangkan untuk mengatasi keterbatasan metode Sanger yang relatif lambat dan memerlukan biaya tinggi (Tan *et al.*, 2019). Dalam analisis metagenomik ikan, NGS memungkinkan identifikasi keragaman mikroorganisme usus secara komprehensif tanpa kultur sehingga dapat memetakan dominasi bakteri serta membandingkan tingkat keragaman komunitas bakteri (Gallo *et al.*, 2020). Selain itu, NGS mampu menggambarkan struktur komunitas mikrobiom yang lebih mendekati kondisi alami serta mendeteksi bakteri dengan kelimpahan rendah. Informasi yang dihasilkan berpotensi dimanfaatkan untuk mendukung pengembangan praktik budidaya perikanan yang berkelanjutan. Meskipun memiliki keunggulan berupa kecepatan analisis, *throughput* tinggi, dan tidak bergantung terhadap metode kultur konvensional, penerapan NGS masih memiliki keterbatasan, antara lain biaya awal yang relatif tinggi, kebutuhan sumber daya komputasi yang besar untuk analisis data kompleks, serta tantangan dalam interpretasi sekuens pendek (*short reads*) yang menimbulkan bias (Tan *et al.*, 2019).