



# **PROFIL *WHOLE-GENOME SEQUENCING* PADA *SALMONELLA* RESISTEN AMPISILIN ASAL AIR IRIGASI PERTANIAN**

**SHAUSAN FAIRUZ JINAN**



**PROGRAM STUDI MAGISTER ILMU PANGAN  
FAKULTAS TEKNIK DAN TEKNOLOGI  
BOGOR  
2026**



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University  
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
  - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
  - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



## PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa laporan proyek akhir dengan judul “Profil *Whole-Genome Sequencing* Pada *Salmonella* Resisten Ampisilin Asal Air Irigasi Pertanian” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apapun kepada perguruan tinggi manapun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam daftar pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dalam penyusunan karya ini, penulis menggunakan bantuan kecerdasan buatan *ChatGPT* untuk menerjemahkan sumber informasi. Setelah menggunakan alat/layanan tersebut, penulis meninjau dan menyunting konten sesuai kebutuhan serta bertanggung jawab penuh atas isi karya akhir ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, 30 Maret 2026

Shausan Fairuz Jinan

F2501231005



## RINGKASAN

SHAUSAN FAIRUZ JINAN. Profil *Whole-Genome Sequencing* pada *Salmonella* Resisten Ampisilin Asal Air Irigasi Pertanian. Dibimbing oleh WINIATI P. RAHAYU dan SITI NURJANAH.

Air irigasi merupakan sumber utama kontaminasi mikroorganisme patogen pada produk pertanian. Salah satu mikroorganisme patogen yang sering terdeteksi pada pangan dan lingkungannya adalah *Salmonella* spp.. Keberadaan *Salmonella* spp. yang resisten terhadap antibiotik menjadi ancaman serius bagi kesehatan global, terutama pada produk sayuran segar.

Penelitian sebelumnya (Ardianti 2025) telah mengidentifikasi gen resistensi (*bla*<sub>TEM</sub> dan *bla*<sub>SHV</sub>) pada sembilan isolat *Salmonella* spp. dan satu isolat *Klebsiella* spp. yang berasal dari air irigasi pertanian tanaman selada menggunakan PCR standar. Penelitian ini merupakan studi lanjutan yang berfokus pada karakterisasi resistensi ampisilin pada isolat *Salmonella* spp. dari air irigasi pertanian dari tanaman selada. Studi ini bertujuan mengeksplorasi dan menganalisis isolat *Salmonella* spp. resisten ampisilin melalui pendekatan fenotipik dan genotipik berbasis *next-generation sequencing* (NGS) melalui *whole-genome sequencing* (WGS) yang dilakukan dalam empat tahapan penelitian.

Tahap pertama dilakukan uji fenotipik terhadap ampisilin menggunakan metode Kirby–Bauer pada sembilan isolat terduga *Salmonella* spp., satu isolat *Klebsiella* spp., serta kontrol (*Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 sebagai kontrol sensitif dan *Salmonella* BCID 1.3 sebagai kontrol resisten). Hasil pengujian menunjukkan bahwa dari sembilan isolat terduga *Salmonella*, terdapat 1 isolat sensitif (11,1%), 4 isolat resisten (44,4%), dan 4 isolat heteroresisten (44,4%). Kontrol *Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 menunjukkan pola sensitif, sedangkan *Salmonella* BCID 1.3 menunjukkan pola resisten, dan isolat *Klebsiella* menunjukkan pola heteroresisten. Selanjutnya, seluruh isolat yang menunjukkan pola heteroresisten diinkubasi kembali dengan perpanjangan waktu hingga 48 jam. Setelah inkubasi 48 jam, isolat-isolat tersebut menunjukkan perubahan menjadi pola resistensi penuh. Dengan demikian, empat isolat terduga *Salmonella* dan *Klebsiella* yang sebelumnya heteroresisten berpotensi menjadi resisten terhadap ampisilin.

Pada tahap kedua dilakukan uji konfirmasi terhadap sembilan isolat terduga *Salmonella* spp. menggunakan real-time PCR dengan target gen *invA*. Isolat *Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 dan *Salmonella* BCID 1.3 digunakan sebagai kontrol positif, sedangkan isolat *Klebsiella* digunakan sebagai kontrol negatif. Hasil pengujian menunjukkan bahwa dari sembilan isolat terduga *Salmonella*, dua isolat (H.2.1 dan H.2.2) terkonfirmasi sebagai *Salmonella* dengan nilai Cq masing-masing 17,80 dan 18,32, sedangkan isolat lainnya menunjukkan hasil negatif serupa dengan kontrol negatif (*Klebsiella*). Kedua isolat terkonfirmasi tersebut (H.2.1 dan H.2.2) juga menunjukkan pola resisten terhadap ampisilin pada uji Kirby–Bauer yang mengindikasikan adanya *Salmonella* resisten antibiotik beta-laktam dalam air irigasi.

Tahap ketiga meliputi sekuensing NGS pada isolat *Salmonella* spp. H.2.1 dan H.2.2 yang dirakit secara *de novo* menjadi *contig* menggunakan Galaxy. Kedua isolat menunjukkan persentase GC sebesar 52% dengan ukuran genom sekitar 4,7–

4,8 Mbp serta kelengkapan tinggi (BUSCO 98,4–100%). Namun, isolat H.2.2 memiliki tingkat fragmentasi lebih tinggi (163 kontig; N50 58.287 bp) dibandingkan H.2.1 (57 kontig; N50 175.037 bp), sehingga kualitas perakitan relatif lebih rendah. Pada kontrol positif, *Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 dan *Salmonella* BCID 1.3 memiliki persentase GC 51,79–52,17% dengan ukuran genom sekitar 4,8 Mbp dan kelengkapan tinggi (BUSCO 98,4–100%); meskipun demikian, ATCC 14028 menunjukkan fragmentasi lebih tinggi (160 kontig; N50 67.266 bp) dibandingkan BCID 1.3 (56 kontig; N50 291.078 bp). Sebagai pembandingan, kontrol negatif *Klebsiella* H.9.2 memiliki persentase GC lebih tinggi (57,79%) dan ukuran genom lebih besar (5,37 Mbp), serta kualitas perakitan lebih baik (45 kontig; N50 600.631 bp; BUSCO 100%). Secara keseluruhan, karakteristik genom isolat *Salmonella* (sampel dan kontrol positif) konsisten dan berbeda jelas dari *Klebsiella*, sehingga mendukung data untuk analisis WGS.

Pada tahap keempat dilakukan analisis hubungan kekerabatan antar isolat dianalisis melalui pohon filogenetik, gen resistensi, gen virulensi, dan keberadaan plasmid. Hubungan kekerabatan antar isolat dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA versi 12 melalui konstruksi pohon filogenetik. Hasil analisis filogenetik menunjukkan isolat H.2.1 dan H.2.2 sebagai *Salmonella* Paratyphi B, BCID 1.3 sebagai *S. Schwarzengrund*, ATCC 14028 sebagai *S. Typhimurium*, dan *Klebsiella* H.9.2 sebagai *Klebsiella quasipneumoniae*. Penentuan serotipe *Salmonella* dilakukan menggunakan SeqSero2. Hasil ini konsisten antara pohon filogenetik dengan SeqSero2 untuk isolat *Salmonella*.

Identifikasi gen resistensi antibiotik dilakukan menggunakan AMRFinderPlus v3.12.8 dengan *coverage* dan *identity* >99%. Hasilnya menunjukkan bahwa isolat *S. Paratyphi* B var. Java H.2.1 dan H.2.2 membawa gen *bla*<sub>TEM-135</sub> (ampisilin) dan *fosA4* (fosfomisin), dan memiliki plasmid tipe IncI1 yang berpotensi resistensi ampisilin yang dapat ditransfer secara horizontal. Isolat *Salmonella* BCID 1.3 memiliki keragaman gen resistensi yang lebih luas (beta-laktam, kuinolon, aminoglikosida, makrolida, dan sulfonamida) sehingga tergolong *multi-drug resistant* (MDR). *S. Typhimurium* ATCC 14028 tidak membawa gen resistensi, namun memiliki plasmid (IncFII dan IncFIB). Adapun isolat *Klebsiella quasipneumoniae* H.9.2 hanya memiliki gen *bla*<sub>OKP-B-8</sub> yang berkontribusi terhadap resistensi beta-laktam (ampisilin).

Identifikasi gen virulensi dilakukan menggunakan ABRicate v1.0.1 dengan basis data VFDB. Hasilnya menunjukkan bahwa seluruh isolat *Salmonella* memiliki gen adhesi (*fimD* dan *fimH*) untuk melekat ke sel inang, gen SPI-1 (invasi awal) dan SPI-2 (survival dan replikasi intraseluler), serta gen terkait dengan penekanan inflamasi, ketahanan terhadap kondisi nutrisi terbatas, dan potensi infeksi sistemik. Gen pembentuk-biofilm hanya ditemukan pada isolat H.2.2 dan BCID 1.3, sementara itu isolat *Klebsiella quasipneumoniae* memiliki jumlah gen virulensi yang lebih sedikit, namun tetap menunjukkan potensi sebagai patogen.

Temuan ini menunjukkan adanya risiko kontaminasi *Salmonella* dari air irigasi yang membawa gen virulensi dan resistensi ampisilin, terutama pada sayuran seperti selada.

Kata kunci: air irigasi pertanian, gen virulensi, resistensi antibiotik, *Salmonella* Paratyphi B, *whole-genome sequencing*



## SUMMARY

SHAUSAN FAIRUZ JINAN. Whole-Genome Sequencing Profile Ampicillin-Resistant *Salmonella* from Agricultural Irrigation Water. Supervised by WINIATI P. RAHAYU and SITI NURJANAH.

Irrigation water is a major source of contamination by pathogenic microorganisms in agricultural products. One of the most frequently detected pathogens in food and its surrounding environment is *Salmonella* spp. The presence of antibiotic-resistant *Salmonella* spp. poses a serious global public health threat, particularly in fresh produce such as leafy vegetables.

A previous study (Ardianti 2025) identified antibiotic resistance genes (*bla*<sub>TEM</sub> and *bla*<sub>SHV</sub>) in nine *Salmonella* spp. isolates and one *Klebsiella* spp. isolate obtained from irrigation water used in lettuce cultivation, using conventional PCR.

The present study is a follow-up investigation focusing on the characterization of ampicillin resistance in *Salmonella* spp. isolates from agricultural irrigation water. This study aims to explore and analyze ampicillin-resistant *Salmonella* spp. isolates through both phenotypic and genotypic approaches using next-generation sequencing (NGS) via whole-genome sequencing (WGS), conducted in four stages.

In the first stage, phenotypic testing was performed using the Kirby–Bauer method on nine presumptive *Salmonella* spp. isolates, one *Klebsiella* spp. isolate, and control strains (*Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 as a susceptible control and *Salmonella* BCID 1.3 as a resistant control) to ampicillin. The results showed that among the nine presumptive *Salmonella* isolates, one isolate was susceptible (11.1%), four were resistant (44.4%), and four were heteroresistant (44.4%). The control *S. Typhimurium* ATCC 14028 exhibited a susceptible phenotype, whereas *Salmonella* BCID 1.3 showed a resistant phenotype, and the *Klebsiella* isolate displayed a heteroresistant phenotype. Subsequently, all heteroresistant isolates were re-incubated with an extended incubation time of 48 hours. After incubation, these isolates exhibited a shift to full resistant. Thus, the four heteroresistant *Salmonella* isolates and the *Klebsiella* isolate showed the potential to become fully resistant to ampicillin.

In the second stage, confirmation testing was conducted on the nine presumptive *Salmonella* spp. isolates using real-time PCR targeting the *invA* gene. *S. Typhimurium* ATCC 14028 and *Salmonella* BCID 1.3 were used as positive controls, while the *Klebsiella* isolate served as a negative control. The results indicated that two isolates (H.2.1 and H.2.2) were confirmed as *Salmonella*, with C<sub>q</sub> values of 17.80 and 18.32, respectively, whereas the remaining isolates showed negative results similar to the negative control (*Klebsiella*). Both confirmed isolates also exhibited resistance to ampicillin in the Kirby–Bauer assay, indicating the presence of beta-lactam-resistant *Salmonella* in irrigation water.

The third stage involved NGS sequencing of *Salmonella* spp. isolates H.2.1 and H.2.2, followed by *de novo* assembly into contigs using Galaxy. Both isolates showed a GC content of 52% and genome sizes of approximately 4.7–4.8 Mbp, with high completeness (BUSCO 98.4–100%). However, isolate H.2.2 exhibited higher fragmentation (163 contigs; N50 = 58,287 bp) compared to H.2.1 (57 contigs; N50 = 175,037 bp), indicating lower assembly quality. For the positive controls, *S. Typhimurium* ATCC 14028 and *Salmonella* BCID 1.3 had GC contents ranging from 51.79 to 52.17%, genome sizes of approximately 4.8 Mbp, and high

completeness (BUSCO 98.4–100%). However, ATCC 14028 showed higher fragmentation (160 contigs; N50 = 67,266 bp) than BCID 1.3 (56 contigs; N50 = 291,078 bp). As a comparison, the negative control *Klebsiella* H.9.2 had a higher GC content (57.79%) and a larger genome size (5.37 Mbp), along with better assembly quality (45 contigs; N50 = 600,631 bp; BUSCO 100%). Overall, the genomic characteristics of *Salmonella* isolates (both samples and positive controls) were consistent and clearly distinct from those of *Klebsiella*, supporting the suitability of the data for downstream WGS analysis, including serotype determination, and identification of resistance genes, virulence genes, and plasmids.

In the fourth stage, analyses were conducted to determine phylogenetic relationships, antibiotic resistance genes, virulence genes, and plasmid content. Phylogenetic relationships among isolates were analyzed using MEGA version 12 through the construction of a phylogenetic tree. The results showed that isolates H.2.1 and H.2.2 were identified as *Salmonella* Paratyphi B, BCID 1.3 as *S. Schwarzengrund*, ATCC 14028 as *S. Typhimurium*, and *Klebsiella* H.9.2 as *Klebsiella quasipneumoniae*. Serotype determination of *Salmonella* was performed using SeqSero2, and the results were consistent with the phylogenetic analysis.

Identification of antibiotic resistance genes was performed using AMRFinderPlus v3.12.8 with coverage and identity thresholds >99%. The results showed that *S. Paratyphi* B var. Java isolates H.2.1 and H.2.2 carried the *bla*<sub>TEM-135</sub> (ampicillin) and *fosA4* (fosfomycin) genes and harbored IncII-type plasmids, indicating the potential for horizontally transferable ampicillin resistance. *Salmonella* BCID 1.3 exhibited a broader range of resistance genes (β-lactams, quinolones, aminoglycosides, macrolides, and sulfonamides), classifying it as multidrug-resistant (MDR). *S. Typhimurium* ATCC 14028 did not carry resistance genes but possessed plasmids (IncFII and IncFIB). Meanwhile, *Klebsiella quasipneumoniae* H.9.2 carried only the *bla*<sub>OKP-B-8</sub> gene, which contributes to beta-lactam (ampicillin) resistance.

Virulence gene identification was performed using ABRicate v1.0.1 with the VFDB database. The results indicated that all *Salmonella* isolates possessed adhesion genes (*fimD* and *fimH*), genes associated with *Salmonella* pathogenicity islands SPI-1 (initial invasion) and SPI-2 (intracellular survival and replication), as well as genes related to immune evasion, survival under nutrient-limited conditions, and systemic infection potential. Biofilm-associated genes were identified only in isolates H.2.2 and BCID 1.3. In contrast, *Klebsiella quasipneumoniae* carried fewer virulence genes, although it still demonstrated pathogenic potential.

These findings indicate a potential risk of *Salmonella* contamination from irrigation water carrying both virulence factors and ampicillin resistance, particularly in fresh produce such as lettuce.

**Keywords:** Agricultural irrigation water, antibiotic resistance, *Salmonella* Paratyphi B, virulence genes, whole-genome sequencing.



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
    - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
    - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
  2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026  
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

*Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.*

*Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.*



# **PROFIL *WHOLE-GENOME SEQUENCING* PADA SALMONELLA RESISTEN AMPISILIN ASAL AIR IRIGASI PERTANIAN**

**SHAUSAN FAIRUZ JINAN**

Tesis

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister pada  
Program Studi Ilmu Pangan

**PROGRAM STUDI MAGISTER ILMU PANGAN  
FAKULTAS TEKNIK DAN TEKNOLOGI  
BOGOR  
2026**



**@Hak cipta milik IPB University**

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
  - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
  - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Judul Tesis : Profil *Whole-Genome Sequencing* pada *Salmonella*  
Resisten Ampisilin Asal Air Irigasi Pertanian  
Nama : Shausan Fairuz Jinan  
NIM : F2501231005

Disetujui oleh

Pembimbing 1:  
Prof. Dr. Winiati P. Rahayu



Pembimbing 2:  
Dr. Siti Nurjanah S.T.P., M.Si.



Diketahui oleh

Ketua Program Studi Ilmu Pangan:  
Dr. Nur Wulandari, S.T.P., M. Si  
NIP 19741003 200003 2 001



Dekan Fakultas Teknik dan Teknologi:  
Prof. Dr. Ir. Slamet Budijanto, M. Agr  
NIP 19610502 198603 1 002



Tanggal Ujian:  
23 April 2026

Tanggal Lulus:  
08 Mei 2026



@Hak cipta milik IPB University

IPB University



IPB University  
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
  - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
  - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

## PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala berkah dan karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Februari sampai Oktober 2025 ini adalah Mikrobiologi dan Bioteknologi Pangan dengan judul “Profil *Whole-Genome Sequencing* pada *Salmonella* Resisten Ampisilin Asal Air Irigasi Pertanian”.

Selama masa studi, penelitian, dan penulisan tesis, penulis banyak dibantu oleh berbagai pihak. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Prof. Dr. Winiati P. Rahayu dan Dr. Siti Nurjanah, S.TP, M.Si selaku dosen pembimbing yang telah mencurahkan waktu, pikiran, dukungan, tenaga, serta kesabaran untuk membimbing serta memberi saran sehingga penulis dapat menyelesaikan karya ilmiah ini dengan baik. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Prof. Dr. Ir. Harsi D. Kusumaningrum, dan Dr. Inas Suci Rahmawati, S.T.P., M.Si. atas masukannya terhadap tesis ini. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada staf Laboratorium yaitu Ibu Riska Dwi Nanda yang telah membantu selama penelitian. Terima kasih penulis ucapkan kepada manajemen Laboratorium Mikrobiologi Pangan 2 dan Laboratorium Mikrobiologi dan Molekuler Departemen Ilmu dan Teknologi Pangan IPB University yang telah memfasilitasi penelitian ini.

Ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi tahun 2024 (dengan No. Kontrak 027/E5/PG.02.00.PL/2024) atas pembiayaan penelitian yang berjudul “Penelusuran sumber kontaminasi patogen pada sayuran segar dan potensi resistensi antibiotik menggunakan *next-generation sequencing* untuk pengendalian keamanan pangan” dalam skema hibah Basis Informasi Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat (BIMA) atas nama Dr. Siti Nurjanah, S.TP, M.Si.

Terima kasih juga disampaikan kepada tim NGS *Salmonella* yang telah kebersamai perjuangan penulis selama penelitian. Ungkapan terima kasih yang sangat besar penulis haturkan kepada orang tua penulis, kakak, dan adik yang selalu mendukung dan mengiringi penulis dalam setiap proses serta memberikan dukungan, doa, dan kasih sayang.

Sebagai luaran dari penelitian ini, artikel ilmiah berjudul “*Genomic Characterization of Antibiotic Resistance and Virulence Determinants in Salmonella Paratyphi B var. Java from Agricultural Irrigation Water*” telah disubmit ke jurnal HAYATI *Journal of Biosciences* pada April 2026 dan saat ini sedang dalam proses penelaahan (review). Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, 30 Maret 2026

Shausan Fairuz Jinan

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
  - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
  - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



## DAFTAR ISI

Toc228482692DAFTAR TABEL	ii
DAFTAR GAMBAR	ii
DAFTAR LAMPIRAN	iii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
II TINJAUAN PUSTAKA	3
2.1 <i>Salmonella</i> spp.: Karakteristik, Klasifikasi, dan Peran sebagai Patogen	3
2.2 Cemaran <i>Salmonella</i> spp. dalam Sistem Pertanian	4
2.3 Metode Deteksi <i>Salmonella</i> spp. Berbasis <i>real-time</i> PCR dengan Menggunakan Gen <i>InvA</i>	5
2.4 Resistensi Antibiotik pada <i>Salmonella</i> spp.	8
2.5 Aplikasi <i>Next-Generation Sequencing</i> (NGS) dan <i>Whole-Genome Sequencing</i> (WGS) dalam Mikrobiologi	12
III METODE	19
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	19
3.2 Alat dan Bahan	19
3.3 Tahapan Penelitian	20
3.4 Prosedur Penelitian	20
3.5 Tahapan Penelitian	25
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	26
4.1 Profil Sensitivitas Ampisilin pada Isolat <i>Salmonella</i>	26
4.2 Identitas Genus <i>Salmonella</i> spp. Terkonfirmasi Dengan Gen <i>InvA</i> Menggunakan <i>Real-Time</i> PCR	30
4.3 Karakteristik Sekuens Isolat <i>Salmonella</i> spp.	31
4.4 Filogenetik dan Serotipe <i>Salmonella</i> spp. dan <i>Klebsiella</i> spp.	34
4.5 Profil Genomik Resistensi dan Plasmid	37
4.6 Profil Genomik Virulensi	39
4.7 Data Availability	46
V KESIMPULAN DAN SARAN	47
5.1 Kesimpulan	47
5.2 Saran	47
DAFTAR PUSTAKA	48
LAMPIRAN	62
RIWAYAT HIDUP	66

## DAFTAR TABEL

1	Komposisi bahan yang digunakan pada uji presumtif secara rt-PCR	21
2	Kondisi <i>running</i> PCR (3-step cycle)	21
3	Profil fenotipik dan genotipik resistensi ampisilin	30
4	Hasil deteksi gen <i>invA</i> pada isolat uji dan kontrol menggunakan metode <i>real-time</i> PCR (rt-PCR) yang ditunjukkan oleh nilai <i>cycle threshold</i> (Ct).	31
5	Informasi karakteristik sekuens isolat <i>Salmonella</i> spp. dan kontrol.	32
6	Gen resisten pada masing-masing isolat <i>Salmonella</i> dan <i>Klebsiella</i>	37
7	Distribusi gen virulensi tahap adhesi pada isolat <i>Salmonella</i> spp.	41
8	Distribusi Gen Virulensi <i>SPI-1</i> pada Isolat <i>Salmonella</i> spp.	43
9	Distribusi Gen Virulensi <i>SPI-2</i> pada Isolat <i>Salmonella</i> spp.	46

## DAFTAR GAMBAR

1	Diagram Siklus transmisi <i>Salmonella</i> dari reservoir alami (hewan/manusia) ke rantai pangan melalui lingkungan pertanian. (dimodifikasi dari Yan <i>et al.</i> (2022))	5
2	Metode untuk mendeteksi bakteri <i>Salmonella</i> (Awang <i>et al.</i> 2021)	6
3	Ilustrasi tahap denaturasi dalam reaksi PCR (Laura <i>et al.</i> 2023)	7
4	Ilustrasi dari tahap annealing dalam reaksi PCR (Laura <i>et al.</i> 2023)	7
5	Ilustrasi tahap ekstensi/elongasi dalam reaksi PCR (Laura <i>et al.</i> 2023)	8
6	Struktur cincin beta-laktam dalam ampisilin ( <a href="https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/compound/6249">https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/compound/6249</a> ).	9
7	Transmisi gen resistensi antibiotik antara sistem manusia dan pertanian (dimodifikasi dari Yan <i>et al.</i> 2022).	10
8	Metode uji kepekaan antibiotik (AST) serta waktu penyelesaian hasil pemeriksaannya (Gajic <i>et al.</i> 2022).	12
9	Proses pemutusan atau pemisahan untai DNA yang dilakukan oleh enzim endonuklease (Ignatov <i>et al.</i> 2019).	15
10	Persiapan DNA <i>library</i> dengan meligasikan adaptor NGS (Roche 2023).	16
11	Pipeline bioinformatika: serotipe, gen resistensi, dan gen virulensi	23
12	Tahapan penelitian	25
13	Hasil uji kepekaan ampisilin terhadap sembilan isolat terduga <i>Salmonella</i> spp. berdasarkan metode difusi cakram Kirby-Bauer dengan kategori sensitif, resisten, dan heteroresisten.	26
14	Pola sensitif terhadap ampisilin dengan membentuk zona hambat: a) <i>Salmonella</i> ATCC 14028 (23,75 mm), b) <i>Salmonella</i> H.6.2 (23,07 mm)	27
15	Fenotip resistensi ampisilin pada isolat terduga <i>Salmonella</i> : (a) isolat K.3.1, (b) isolat H.2.1, (c) isolat H.2.2, (d) isolat H.3.1, (e) isolat BCID 1.3	28
16	Keempat isolat yang menunjukkan fenotip heteroresisten pada isolat terduga <i>Salmonella</i> setelah 18 jam inkubasi (a) isolat K.5.1 (23,30 mm), (b) isolat H.5.2 (15,20 mm), (c) isolat H.7.1 (22,92 mm), (d) isolat H.10.1(19,71).	28
17	Isolat <i>Klebsiella</i> H.9.2 (21,82 mm) yang menunjukkan fenotip heteroresisten setelah 18 jam inkubasi	29
18	Pohon filogenetik berbasis sekuens gen <i>invA</i> (2058 bp) yang menunjukkan hubungan kekerabatan isolat <i>Salmonella</i>	35

Pohon filogenetik isolat <i>Klebsiella</i> H.9.2 berdasarkan <i>core genome</i>	36
Visualisasi sirkuler distribusi gen virulensi berdasarkan anotasi VFDB pada isolat <i>Salmonella</i> . a. Isolat <i>S. Paratyphi B</i> var <i>Java</i> H.2.1; b. Isolat <i>S. Paratyphi B</i> var <i>Java</i> H.2.2; c. Isolat <i>S. Schwarzengrund</i> BCID1.3; dan d. Isolat <i>S. Typhimurium</i> ATCC 14028	40
Visualisasi sirkuler distribusi gen virulensi berdasarkan anotasi VFDB pada isolat <i>Klebsiella quasipneumoniae</i> H.2.9.	40
Struktur mesin jarum T3SS-1 (sistem sekresi tipe III) yang terlibat dalam invasi sel inang oleh bakteri (dimodifikasi dari Bao <i>et al.</i> 2020).	42

## DAFTAR LAMPIRAN

Hasil data isolat terduga <i>Salmonella</i> spp. resisten ampisilin asal air irigasi pertanian pada studi sebelumnya	62
Hasil data isolat terduga <i>Klebsiella</i> spp. resisten ampisilin asal air irigasi pertanian pada studi sebelumnya	62
Data hasil ekstraksi DNA pada isolat <i>Salmonella</i> dan <i>Klebsiella</i>	62
Data hasil <i>library preparation</i>	63
Data hasil pengukuran zona hambat	63
Basa plasmid pada isolat <i>Salmonella</i>	64