

## INTISARI

**Mega Tyas Prihatin. NIM 3212066. Karakterisasi Genetik Isolat *Bacillus thuringiensis* Berdasarkan Gen Penanda 16s rRNA.**

*Bacillus thuringiensis* merupakan bakteri berbentuk batang, tidak berkapsul, bersifat gram positif, bersifat motil dengan flagel peritrik, serta membentuk spora. Bakteri ini merupakan kelompok bakteri dalam grup *Cereus*. Lebih dari 82 serovar Bt diidentifikasi dengan analisis antigen flagellar (serotyping), namun uji ini tidak dapat mengetahui kekerabatan antar varian. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik dan kekerabatan antar isolat *B.thuringiensis* berdasar gen 16s rRNA, serta mengetahui pola keragaman dan kekerabatan *B.thuringiensis* dan bakteri lain dalam grup bakteri *Cereus* . Setelah dilakukan uji PCR dengan primer general 16s rRNA dan di sequencing menggunakan sanger sequencing. Sequence DNA kemudian dilakukan analisis menggunakan software MEGA X. Aligment dengan reference yang ada di genebank menggunakan statistik clustal W dan kemudian dihitung jarak genetisnya. Dari hasil perhitungan jarak genetik, isolat Salatiga terbagi menjadi 3 kelompok besar dengan jarak genetik antar isolat 0, yaitu kelompok 1 isolat Salatiga 2,8,11,12,13,17 dan 19. Kemudian kelompok isolat Salatiga 6 dan 7, terakhir isolat salatiga 9. Kelompok 1 dan 2 memiliki jarak genetik sebesar 0,55%, kelompok 1 dan 3 sebesar 0,68 persen, kelompok 2 dan 3 sebesar 0,14%. Dari perhitungan jarak genetik kemudian dilakukan konstruksi menjadi pohon filogeni. Dari konstruksi pohon filogeni, isolat salatiga terbagi menjadi dua klaster. Klaster 1 yaitu isolat salatiga 2,8,11,12,13,17 dan 19 dekat dengan *B.thuringiensis* serovar *israelensis*. Sedangkan klaster 2 isolat 6,7 dan 9 dekat dengan *B.thuringiensis* serovar *kurstaki*. Dari hasil analisis data sekunder bakteri grup *Cereus* di genebank dan konstruksi pohon filogeninya. gen 16s rRNA saja tidak cukup untuk membedakan dan mengelompokkan grup bakteri *Cereus*.

Kata kunci : Karakterisasi Genetik, *Bacillus thuringiensis*, 16s rRNA

## ABSTRAK

**Mega Tyas Prihatin. NIM 3212066. Genetic Characterization of *Bacillus thuringiensis* Based on 16s rRNA gene.**

*Bacillus thuringiensis* is a rod-shaped bacterium, non-encapsulated, gram-positive, motile with peritrichous flagella, and forms spores. This bacterium is a group of bacteria in the *Cereus* group. More than 82 Bt serovars were identified by flagellar antigen analysis (serotyping), however this test could not determine the relationship between variants. The purpose of this study was to determine the genetic diversity and relationship between *B. thuringiensis* isolates based on the 16s rRNA gene, and to determine the pattern of diversity and relation of *B. thuringiensis* and other bacteria in the *Cereus* bacterial group. After End point PCR test with general 16s rRNA primer and sequencing by sanger sequencing, the DNA sequences were analyzed using MEGA X software. Alignment with references in the genebank was performed using Cluster W statistics and then the genetic distance was calculated. From the calculation of genetic distance, Salatiga isolates were divided into 3 large groups with genetic distance between isolates 0. 1st Group are Salatiga isolate 2,8,11,12,13,17 and 19. 2nd group are Salatiga isolate 6 and 7, lastly Salatiga isolate 9. Groups 1 and 2 have a genetic distance of 0.55%, groups 1 and 3 are 0.68 percent, groups 2 and 3 are 0.14%. From the calculation of the genetic distance, then constructed into a phylogenetic tree. From the construction of the phylogeny tree, salatiga isolates were divided into two clusters. Cluster 1, salatiga isolates 2,8,11,12,13,17 and 19 were close to *B. thuringiensis* serovar *israelensis*. Meanwhile, cluster 2 isolates 6,7 and 9 were close to *B. thuringiensis* serovar *kurstaki*. From the results of the analysis of secondary data on bacteria from the *Cereus* group in the genebank and the construction of the phylogenetic tree. 16s rRNA gene alone is not sufficient to differentiate and classify the bacterial group *Cereus*.

Keywords : Genetic Characterization ,*Bacillus thuringiensis*, 16s rRNA