

Identifikasi Bakteri *Vibrio* pada Kawasan Tambak Udang Vaname dengan Menggunakan Gen 16S rRNA

Arman Pariakan^{1*}, Rahim¹, Ilham Antariksa Tasabarmo², Indrayani³

¹Program Studi Ilmu Perikanan Fakultas Pertanian, Perikanan dan Peternakan, Universitas Sembilanbelas November Kolaka

²Program Studi Ilmu Kelautan Fakultas Pertanian, Perikanan dan Peternakan, Universitas Sembilanbelas November Kolaka
Jl. Pemuda No.339 Kolaka Sulawesi Tenggara 93561 Indonesia

³Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Halu Oleo
Jl. H.E.A. Mokodompit, Kampus Hijau Bumi Tridharma, Anduonohu Kendari Sulawesi Tenggara 93232 Indonesia
Email: armanpariakan@gmail.com

Abstrak

Penyakit pada budidaya udang *Litopenaeus vannamei* dipicu oleh berbagai faktor salah satunya adalah vibriosis. Pengendalian penyakit vibriosis sangat bergantung pada informasi valid terkait jenis bakteri yang menyerang areal budidaya tambak udang *L. vannamei*. Teknik genom dengan analisis berbasis urutan gen 16S rRNA merupakan metode yang dapat digunakan dalam identifikasi spesies bakteri. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi jenis bakteri *vibrio* di wilayah tambak udang pesisir Kabupaten Kolaka. Penelitian dilaksanakan pada wilayah pesisir Kabupaten Kolaka Provinsi Sulawesi Tenggara, khususnya Kecamatan Wundulako dan Kecamatan Pomalaa. Analisis identifikasi spesies bakteri dilakukan melalui beberapa tahapan yaitu; pengambilan sampel air pada 3 lokasi areal tambak udang; analisis karakteristik fisik bakteri; karakterisasi secara biomolekuler menggunakan gen 16S rRNA. Hasil penelitian, ditemukan empat isolat berdasarkan BLAST nukleotida dari NCBI, yaitu isolat Wundulako 1 dan 2 menunjukkan kesesuaian dengan *Vibrio neocaledonicus* dan *Vibrio harveyi* masing-masing sebesar 99%. Kemudian isolat Pomalaa 1 dan 1.1 menunjukkan kesesuaian sebesar 100% untuk *Vibrio sp* dan *Vibrio bacterium* dengan kesamaan yang rendah sebesar 86,45% dan query cover 94%, sehingga isolat Pomalaa 1.1 dianggap sebagai spesies outgrup tersendiri pada pohon filogenetik. Studi ini, memberikan dasar teori dan dukungan teknis untuk pencegahan penyakit yang efektif pada tahap postlarva hingga udang dewasa dan mendukung pengembangan industri udang yang sehat di pesisir Kabupaten Kolaka.

Kata kunci : vibriosis, molekuler, budidaya udang vaname

Abstract

Identification of Vibrio Bacteria in Vaname Shrimp Pond Areas Using Gen 16S rRNA.

Diseases in *Litopenaeus vannamei* shrimp farming are triggered by various factors, one of which is vibriosis. Vibriosis disease control is highly dependent on valid information regarding the types of bacteria that attack *L. vannamei* in shrimp farming areas. Genome techniques with 16S rRNA gene sequence-based analysis can be used to identify bacterial species. This study aimed to identify the types of *Vibrio* bacteria in coastal shrimp farming areas of Kolaka Regency. The study was conducted in the coastal areas of Kolaka Regency, Southeast Sulawesi Province, specifically Wundulako and Pomalaa Districts. Analysis of bacterial species identification was carried out through several stages, namely; water sampling at 3 locations of shrimp farming areas; analysis of bacterial physical characteristics; biomolecular characterization using the 16S rRNA gene. The results of the study showed that four isolates were found based on nucleotide BLAST from NCBI, namely Wundulako isolates 1 and 2, showing a match with *Vibrio neocaledonicus* and *Vibrio harveyi* of 99%, respectively. Then, Pomalaa isolates 1 and 1.1 showed 100% match for *Vibrio sp* and *Vibrio bacterium* with a low similarity of 86.45% and query cover of 94%, so that Pomalaa isolate 1.1 is considered as a separate outgroup species in the phylogenetic tree. This study provides a theoretical basis and technical support for effective disease prevention in postlarvae to adult shrimp and supports the development of a healthy shrimp industry in the coastal areas of Kolaka Regency.

Keywords : vibriosis, molecular, white shrimp cultivation

*Corresponding author

DOI:10.14710/buloma.v14i3.71562

<http://ejournal.undip.ac.id/index.php/buloma>

Diterima/Received : 08-03-2025

Disetujui/Accepted : 12-08-2025

PENDAHULUAN

Udang vaname berasal dari pantai Pasifik Amerika Tengah dan Selatan (Aktur dan Yeumine, 2020) dan sekarang merupakan salah satu dari tiga spesies udang yang paling banyak dibudidayakan secara global antara lain Negara Ekuador, India, Vietnam, Indonesia, Cina, Argentina dan Thailand (FAO, 2025). Tubuh udang vaname (*Litopenaeus vannamei*) berwarna putih transparan sehingga dikenal sebagai *white shrimp*. Udang vaname (*L. vannamei*) merupakan komoditas utama budidaya yang bernilai ekonomis tinggi (Lusiana, 2018) di Indonesia salah satunya berada pada daerah pesisir Kabupaten Kolaka. Jumlah produksi udang vaname Kolaka di tahun 2023 sebesar 16,6 ribu ton dengan nilai jual 832,5 juta rupiah (KKP, 2024), produksi tersebut naik sebesar 1,7% dari tahun sebelumnya. Nilai produksi yang naik dengan nilai jual pasar yang cukup menjanjikan memberikan peluang bagi masyarakat pesisir Kolaka untuk melakukan kegiatan budidaya udang vaname di tambak. Pembudidayaan udang vaname yang dilakukan masyarakat di pesisir Kolaka umumnya bergantung pada kondisi lingkungan dimana untuk mengisi air kolam tambak membutuhkan air laut pasang dan saat panen air tambak dibuang mengikuti waktu saat air laut surut. Pembuangan air tambak yang dilakukan pembudidaya ke perairan laut sebagai upaya untuk menghilangkan racun sisa metabolisme dan mungkin sisa pakan yang dapat menghasilkan racun (amonia). Hasil buangan tersebut tidak hilang sama sekali, namun digunakan oleh fitoplankton dan bakteri air untuk berproduktivitas, terutama bakteri vibrio (gram negatif) yang merupakan patogen oportunistik dan menyebabkan kematian pada udang vaname (Schryver *et al.*, 2014, Kumar *et al.*, 2017, Gao *et al.*, 2019, Ariadi *et al.*, 2024).

Retensi nutrien (nitrogen (N) dan fosfor (P)) dari pakan buatan pada udang vannamei relatif rendah, yaitu hanya sekitar 22,27% dan 9,79% (Hongsheng *et al.*, 2008), maka limbah dalam bentuk N dan P dibuang ke sedimen dan perairan masing-masing sebesar 77,73% dan 90,21%. Kondisi ini akan menyebabkan lingkungan air wilayah tambak memburuk, dan pada waktu lain pembudidaya akan kembali menggunakan air laut yang sama untuk mengisi kolam budidaya udang setelah dikeringkan (15-30 hari). Keadaan ini diperparah dengan kegiatan budidaya udang yang dilakukan hampir di sepanjang pesisir Kabupaten Kolaka khususnya Kecamatan Wundulako dan Kecamatan Pomalaa.

Produksi budidaya udang vaname yang dihasilkan dari Kecamatan Wundulako dan Kecamatan Pomalaa menurun setiap tahunnya ditunjukkan dengan panen udang yang tidak mencapai umur panen, hasil panen yang sedikit hingga kegagalan panen. Udang yang dewasa mudah diidentifikasi dengan tanda klinis pada tubuh udang yang telah mati berwarna merah, bercak hitam, dan keropos. Faktor kematian udang pada kegiatan budidaya dapat disebabkan oleh kualitas air yang buruk dan serangan bakteri. Temuan wabah penyakit dan beberapa infeksi dengan peningkatan populasi bakteri vibrio pada aeral budidaya telah dilaporkan (Thitamadee *et al.*, 2016; Pariakan *et al.*, 2021). Konfirmasi jenis bakteri yang hidup dan dapat menjadi penyebab kematian massal pada udang vaname di lokasi areal tambak di wilayah pesisir Kolaka, menjadi penting untuk diketahui agar dapat memberikan informasi kepada dunia usaha dan bagaimana langkah-langkah yang tepat untuk dilakukan dalam menjamin keberlanjutan usaha.

Identifikasi patogen di wilayah pesisir Kabupaten Kolaka belum pernah dilakukan khususnya jenis bakteri penyebab penyakit vibriosis. Analisis sifat genetik menggunakan molekuler menjadi cara yang terbaik saat ini untuk mengungkapkan jenis bakteri. Identifikasi molekuler DNA yang saat ini sedang dikembangkan melalui penanda molekuler berbasis PCR (Dhutmal *et al.*, 2018). Identifikasi molekuler vibrio yang diambil dari sampel air di wilayah tambak udang dengan basis urutan gen 16S rRNA. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi jenis bakteri vibrio di wilayah tambak udang pesisir Kabupaten Kolaka.

MATERI DAN METODE

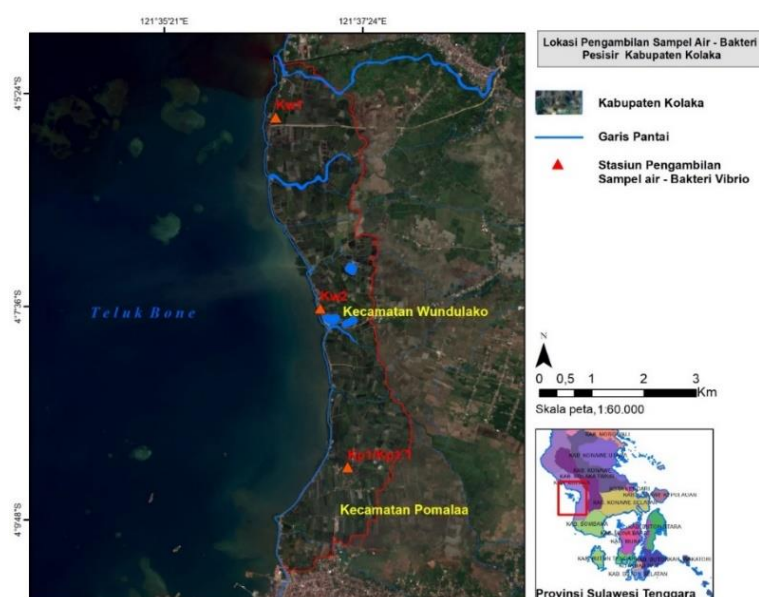
Penelitian dilaksanakan di wilayah pesisir Kabupaten Kolaka Provinsi Sulawesi Tenggara, khususnya Kecamatan Wundulako (Kw 1 dan Kw 2) dan Kecamatan Pomalaa (Kp1 dan Kp1.1) (Gambar 1). Dua kecamatan tersebut merupakan sentral produksi budidaya tambak udang vaname terbesar di Kabupaten Kolaka. Sampling dilakukan pada air di lokasi tambak dengan 3 lokasi sampling yang berbeda. Pengambilan sampel air dilakukan pada saat air laut surut, dengan asumsi jumlah populasi bakteri yang ditemukan lebih tinggi dibandingkan saat air laut pasang, karena adanya proses pangadukan dan pengenceran pada populasi bakteri.

Pengambilan sampel air dilakukan secara acak pada tiga lokasi (Tabel 1). Identifikasi

mikroskopis pada sampel yang telah diambil dilakukan dengan langkah awal yaitu melakukan isolasi dengan menumbuhkan pada Media TCBS, pengenceran isolat bakteri *Vibrio spp.* dengan menggunakan tiga kali pengenceran yaitu 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3} , selanjutnya diinkubasi pada suhu 37°C selama 24 jam dengan posisi terbalik (Lindow, 1982). Koloni bakteri yang diduga *Vibrio spp.* muncul dengan koloni berbentuk bulat berukuran 2-3 mm. Koloni ini kemudian diambil dengan jarum ose dan dimasukkan ke dalam medium dengan teknik *streak plate* agar miring TCBS yang akan dimurnikan. Selanjutnya, koloni diinkubasi pada suhu 37°C (Widyastana *et al.*, 2015).

Karakteristik fisik bakteri yang diisolasi mengacu pada kunci determinasi Bergey's Determinative Bacteriology meliputi bentuk koloni, warna koloni, tepian, dan elevasi. Kemudian untuk karakterisasi secara biomolekuler dilakukan terhadap 4 isolat bakteri (713, 715, 719, dan 721) yang mewakili setiap karakter morfologi yang ditemukan. Tahapan identifikasi secara molekuler dimulai dari ekstraksi DNA bakteri dengan mengacu pada protokol dari kit ekstraksi DNA (Geneaid, Presto™ Mini gDNA bacteria kit). Masing-masing isolat terpilih dikultur dalam media Nutrien broth, setelah diinkubasi selama 24 jam, sel bakteri dipanen dengan cara sentrifugasi dengan kecepatan 14000 rpm selama 5 menit pada suhu 4°C . Pellet yang terbentuk

diekstrak dengan menggunakan presto mini gDNA bacteria dari Geneaid. DNA yang telah diisolasi kemudian di PCR (*polymerase chain reaction*) dengan menggunakan sepasang primer gen rRNA 16S bakteri universal, forward SB 0008: 5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3'; reverse SB1492 Rh: 5'-GHT ACC TTG TTA CGA CTT-3' (Monciardini *et al.*, 2002). Amplifikasi PCR menggunakan kit MyTaq dengan campuran reaksi My taq: 12.5 μL , Primer F 10pmol :1 μL , Primer R 10pmol :1 μL , sampel: 3 μL , NFW (*nucleus free water*) up to 25 μL : 7,5 μL . Kondisi PCR adalah sebagai berikut: denaturasi awal pada suhu 95°C selama 1 menit; 35 siklus denaturasi pada 95°C selama 15 s, aneling pada 60°C untuk 15 s, ekstensi pada 72°C selama 10 s; dan ekstensi akhir pada 72°C selama 10 menit. Sebagian produk PCR ini kemudian dielektroforesis dengan menggunakan agarose 0,8% dan sebagian besarnya dikirim ke genetika science untuk disekuensing. Hasil analisis sequensing berupa urutan nukleotida kemudian dipotong pada bagian depan dan belakang dengan menggunakan BioEdit v7.2.5. Urutan nukleotida yang telah diedit ini yang akan disesuaikan dengan data yang telah ada di database Pusat Nasional untuk Informasi Bioteknologi (NCBI) dan dibandingkan dengan menggunakan program Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Selanjutnya pensejajaran nukleotida dan kontruksi pohon filogenetik dari isolat yang telah disekuensing dilakukan dengan menggunakan aplikasi Mega 11.



Gambar 1. Lokasi Penelitian

Tabel 1. Lokasi Pengambilan Sampel Air

Kode	Lokasi	Lintang Selatan	Bujur Timur	Keterangan
Kw1	<i>Wandulako</i>	4°5'38.64"	121°36'29.94"	<i>Tambak budidaya udang</i>
Kw2	<i>Wandulaku</i>	4°7'37.20"	121°36'57.60"	<i>Saluran air tambak</i>
Kp1	<i>Pomalaa</i>	4°9'15.41"	121°37'14.51"	<i>Tambak budidaya udang</i>
Kp1.1				

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pesisir dan perairan laut Wundulako dan Pomalaa bertopografi landai dengan beberapa lokasi ditumbuhi hutan bakau dan masih ditemukan kepiting bakau, namun tidak ditemukan lamun khususnya pada lokasi penelitian ini. Perairan laut sangat dipengaruhi oleh aktivitas industri penambangan nikel (kapal dan sedimentasi melalui jalur sungai), sehingga sedimen masuk ke pesisir laut menyebabkan kekeruhan air sangat tinggi, terutama saat hujan. Perairan Wundulako dan Pomalaa hingga saat ini masih dimanfaatkan oleh para nelayan tradisional untuk menangkap ikan walaupun jarak yang ditempuh lebih jauh keluar dari pesisir. Pada wilayah pesisir, dimanfaatkan oleh masyarakat untuk untuk melakukan kegiatan pembudidayaan udang dan ikan secara terbuka baik dengan sistem intensif maupun semi intensif. Penelitian yang dilakukan oleh Pariakan *et al* (2024) menemukan bahwa luas potensi lahan untuk berkegiatan budidaya udang di Kabupaten Kolaka sebesar 1.222 ha dengan kategori cukup sesuai dan sesuai marginal. Kategori ini disebabkan oleh kualitas air dan tanah yang bervariasi.

Analisis Similaritas dan Filogenetik

Profil morfologi isolat bakteri vibrio yang ditemukan pada area pembudidayaan udang vaname disajikan pada Tabel 2, dan data pada tabel tersebut merujuk dari *Bailey and Scott's Diagnostic Microbiology*, edisi ke 15 (Tille, 2022) dan Buku Dasar-Dasar Mikrobiologi (Dwidjoseputro, 2005).

Identifikasi urutan gen 16S rRNA dari empat isolat perwakilan dari perairan Kolaka melalui BLAST nukleotida dari NCBI. Hasil blast sekuen dari perairan Kolaka ini, ditemukan empat isolat berdasarkan BLAST nukleotida dari NCBI, dimana tiga isolat menunjukkan kesesuaian 99% untuk Kw1 yaitu *Vibrio neocaledonicus*, Kp1 untuk *Vibrio sp* dengan kesesuaian 100%, dan Kw2 untuk *Vibrio harveyi* dengan kesesuaian 99%. Sedangkan untuk isolat Kp1.1 memiliki kedekatan

dengan *Vibrio bacterium* dengan kesesuaian yang rendah sebesar 86,45%, dengan query cover 94%. Hal ini menyebabkan Kp1.1 merupakan spesies *outgrup* tersendiri pada pohon filogenetik (Tabel 3).

Hasil urutan DNA pada masing-masing isolat bakteri dibandingkan dengan data pada basis data (Genbank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) menggunakan BLAST. Hasil perbandingan urutan sampel dengan sekuen pada basis data ditunjukkan seperti pada Tabel 3. Pada pencarian menggunakan BLAST Genbank, hasil yang ditampilkan adalah 100 sekuen yang memiliki kemiripan dengan sekuen sampel. Oleh karena itu, nama spesies yang dituliskan sebagai hasil BLAST merupakan nama spesies dengan skor tertinggi dibandingkan dengan keseluruhan data sekuen yang digunakan sebagai pembanding pada GenBank. Nilai *max score* atau skor maksimal tertinggi adalah nilai yang dihitung dari berbagai faktor, seperti halnya persentase tutupan dari keseluruhan sekuen (*query cover*) serta persentase (%) *identity* (tingkat kesamaan dari sekuen yang dibandingkan).

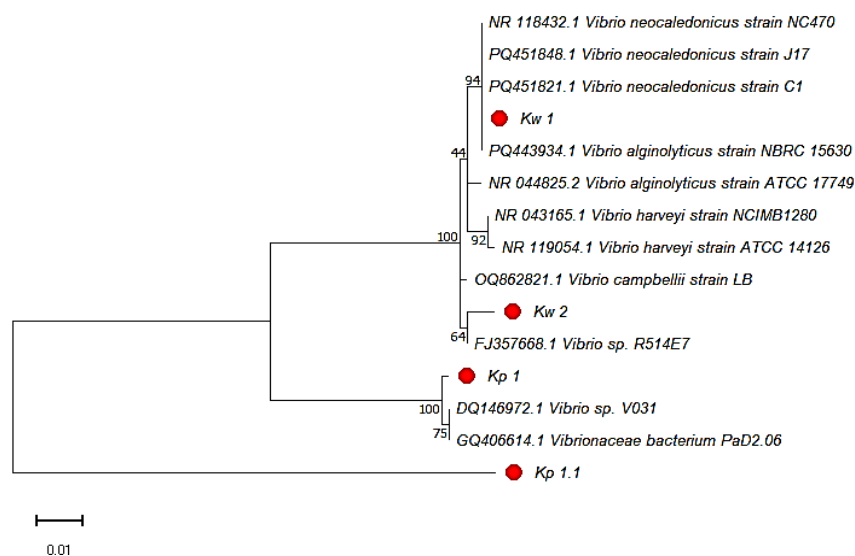
Pohon filogenetik menunjukkan bahwa cabang Kw1 berada pada salah satu cabang yang sama dengan *Vibrio neocaledonicus* dari perairan Cina dalam pohon filogenetik. Hal ini menunjukkan bahwa isolat bakteri dari perairan Kolaka lebih dekat dengan spesies *Vibrio neocaledonicus* dalam genus vibrio. Sementara untuk Kp1 berada pada salah satu cabang yang sama dengan *Vibrio sp* dari perairan Australia pada pohon filogenetik kemudian Kw2 pada hasil blast NCBI memiliki kesesuaian yang tinggi terhadap *Vibrio harveyi* dari Cina, sementara Kp1.1 yang memiliki kemiripan dengan *Vibrio bacterium* dari Cina, namun pada cabang memiliki kondisi yang berbeda hal ini terjadi akibat minimnya nukleotida pembanding yang memiliki kesesuaian tinggi pada geneBank (Gambar 2). Proses penyejajaran sebelum konstruksi pohon filogenetik menjadi kunci kekerabatan dalam pohon filogenetik (Liu *et al.*, 2024). Tidak ada hubungan yang signifikan

Tabel 2. Morfologi Isolat Bakteri

Isolat	Warna	Bentuk	Tepian	Elevasi
Kw1	Hijau	Bulat	Bergigi	Flat
Kw2	Kuning Keputihan	Bulat	Licin	Umbonate
Kp1	Kuning Kehijauan	Bulat	Licin/Entire	Convex
Kp 1.1	Hijau	Bulat	Licin	Umbonate

Tabel 3. Hasil BLAST sampel isolat bakteri dengan database pada Genbank

No	ID sampel	Hasil BLAST	Query Cover (%)	Identity (%)
1.	Kw1	<i>Vibrio neocaledonicus</i>	99	98,90
2.	Kw2	<i>Vibrio harveyi</i>	99	98,76
3.	Kp1	<i>Vibrio sp</i>	100	99,64
4.	Kp1.1	<i>Vibrio bacterium</i>	94	86,45
5.	NR-116862.1	<i>Grimotia marina</i>	98	96,90
6.	MT505697.1	<i>Vibrio rotiferianus</i>	95	85,76
7.	MN339959.1	<i>Vibrio campbellii</i>	95	97,11
8.	Mw680716.1	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	95	86,45

**Gambar 2.** Pohon filogenetik neighbor-joining (NJ) berdasarkan urutan gen 16S rRNA parsial. Jarak evolusi dihitung menggunakan metode Maximum Composite Likelihood. Angka-angka dalam pohon adalah nilai bootstrap. Lingkaran merah menunjukkan posisi dari strain perwakilan 4 kelompok Kolaka

antara isolat Kw2 dan Kp1.1 dan sampel hasil blast dalam pohon filogenetik. Adanya perbedaan lokasi lingkungan hidup bakteri dapat menyebabkan spesies genbank ini jauh dari satu sama lain secara genetik. Variasi genetik pada bakteri dapat terjadi akibat mutasi yang disebabkan pergeseran genetik dan tekanan selektif. Tekanan selektif terjadi akibat faktor biotik dan abiotik yang mendorong bakteri

untuk dapat beradaptasi di habitat tertentu dibandingkan yang lain (Van Rossum *et al.*, 2020).

Analisis pohon filogenetik yang dibangun melibatkan 15 isolat (empat dari isolat Kolaka dan sebelas data yang kami peroleh dari NCBI GenBank). Hasil penelitian ini menggambarkan keberadaan spesies *Vibrio* di tambak Kabupaten Kolaka yang merupakan titik sampling penelitian

dan dapat memberikan informasi terkait kondisi eksisting lingkungan tambak. Temuan *Vibrio neocaledonicus*, *Vibrio harveyi*, *Vibrio* sp, dan *Vibrio bacterium* di wilayah tambak udang menunjukkan kemungkinan wabah vibriosis dan penyakit lainnya di masa depan. Hasil penelusuran kematian yang disebabkan serangan bakteri di wilayah tambak Kabupaten Kolaka diawali dengan perubahan cuaca yang ekstrim dimana suhu yang panas secara tiba-tiba terjadi hujan menyebabkan tubuh udang terlihat kram dan memutih. Gejala klinis yang terlihat, udang mengeluarkan cahaya pada tubuhnya dan pada siang hari terlihat memucat. Hal ini sejalan dengan yang dijelaskan oleh Zhang *et al* (2020). (Anggraeni *et al.*, 2024) menjelaskan udang yang terserang vibriosis menunjukkan jaringan tubuh terkelupas pada saluran pencernaan. Bakteri *V. harveyi*, *V. neocaledonicus*, dan *V. alginolyticus* dikategorikan sebagai *bacterial vitrified syndrome* (BVS) postlarva udang yang menyebabkan otot-otot tubuh rusak, inti sel mengerut, pada pencernaan vili dan sebagian dinding usus menghilang (Yingeng *et al*, 2022). Udang yang mengalami serangan bakteri vibriosis ini terlihat mengalami kerusakan pada hepatopankreas yang ditandai dengan pembesaran abnormal dan memucat. Walaupun dalam penelitian ini tidak ditemukan *V. alginolyticus*. Serangan bakteri vibriosis ini di duga menyerang hingga tahap juvenil dan tahap udang muda, karena saat penelitian ini dilakukan, udang vaname yang di pelihara oleh masyarakat masih dalam tahap udang muda.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis gen 16S rRNA pada isolat Wundulako 1 dan 2, isolat Pomalaa 1 dan 1.1 menunjukkan kesamaan yang mirip dengan *Vibrio neocaledonicus*, *Vibrio harveyi*, *Vibrio* sp, dan *Vibrio bacterium*. *V. neocaledonicus* merupakan penyebab penyakit *bacterial vitrified syndrome* pada benur udang (BVS). Sedangkan *V. harveyi* penyebab penyakit pada udang dewasa. Studi ini memberikan dasar teori dan dukungan teknis untuk pencegahan penyakit pada postlarva hingga udang dewasa yang efektif dan pengembangan industri udang yang sehat di pesisir Kabupaten Kolaka.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih Penulis kepada Lembaga Penelitian dan Pengabdian Kepada

Masyarakat Universitas Sembilanbelas November Kolaka yang telah memberikan bantuan pembiayaan penelitian melalui skema Penelitian Dosen Pemula tahun 2024 dengan nomor Surat Keputusan : 249/UN56/HK.03.00/2024

DAFTAR PUSTAKA

- Aktur, S., & Yeumine, N. 2020. Vannamei Shrimp Cultivation Including Distribution, Feed Quality and Feeding Method. *Journal Siplieria Sciences*, 1(2): 1–5. doi: 10.48173/jss.v1i2.57
- Anggraeni, S.S., Sukenda, Nuryati, S., & Wahjuningrum, D. 2024. Distribution of *Vibrio parahaemolyticus* in pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* through immersion as a natural infection model. *Jurnal Akuakultur Indonesia*, 23(2): 176-188. doi: 10.19027/jai.23.2.176-188
- Ariadi, H., Mujtahidah, T., Tartila, S.S.Q., Azril, M., & Ayisi, C.L., 2024. Dynamic Modelling Analysis of *Vibrio* sp. and Plankton Abundance in Intensive Shrimp Pond. *Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education*, 16(3): 449-463. doi: 10.15294/biosaintifika.v16i3.16465
- Dhutmajal, R.R., Mundhe, A.G., & More, A.W., 2018. Molecular marker techniques: A review. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences* 6: 816-825
- Dwidjoseputro, D., 2005. Dasar-Dasar Mikrobiologi. Djambatan. Jakarta
- Food and Agriculture Organization (FAO). 2025. Global shrimp imports declined in 2024. International Markets For Fisheries And Aquaculture Products. Diakses pada 5 Juli 2025, dari <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/e99a304b-8d6c-4169-87ed-cc1b82b00eb3/content>
- Gao, S., Pan, L., Huang, F., Song, M., Tian, C., & Zhang, M., 2019. Metagenomic insights into the structure and function of intestinal microbiota of the farmed Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). *Aquaculture*, 499: 109-118. doi : 10.1016/j.aquaculture.2018.09.026
- Hongsheng, Y., Ying, L., Kui, Y., & Shilin, L., 2008. Design and performance of superintensive shrimp culture system. *Institute of Oseanology, Chinese Academy of Sciences*

- Kementerian Kelautan dan Perikanan (KKP)., 2024. Statistik Volume Produksi Perikanan Budidaya Pembesaran Udang Vaname Indonesia Tahun 2023. Diakses pada 4 Desember 2024, dari <https://portaldata.kkp.go.id>
- Kumar, T.S., Vidya, R., Kumar, S., Alavandi, S.V., & Vijayan, K.K., 2017. Zoa-2 syndrome of *Penaeus vannamei* in shrimp hatcheries. *Aquaculture*, 479: 759–767. doi: 10.1016/j.aquaculture.2017.07.022
- Lindow, S.E. 1982. Epiphytic ice nucleation-active bacteria, in Mount, M.S. and Lacy, G.H. (editors), *Phytopathogenic Prokaryotes*, Vol. 1, Academic Press, New York. Liu, R., Qiao, X., Shi, Y., Peterson, C.B., Bush, W.S., Cominelli, F., Wang, M., & Zhang, L., 2024. Constructing phylogenetic trees for microbiome data analysis: A mini-review. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 23: 3859–3868. doi: 10.1016/j.csbj.2024.10.032.
- Lusiana, E.D., Musa, M., Mahmudi, M., Sulastri, A., & Nanik, R.B., 2018. Sustainability Analysis of Whiteleg Shrimp Pond Aquaculture at Jatirenggo Village, Lamongan Regency. *Jurnal Ekonomi Pembangunan*, 16(2): p.95. doi: 10.22219/jep.v16i2.8215
- Monciardini, P., Sosio, M., Cavaletti, L., Chiocchini, C., & Donadio, S., 2002. New PCR primers for the selective amplification of 16S rDNA from different groups of actinomycetes. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology*, 42(3): 419–429. doi: 10.1016/S0168-6496(02)00353-7
- Pariakan, A., & Rahim., 2021. Karakteristik Kualitas Air Dan Keberadaan Bakteri *Vibrio* sp. Pada Wilayah Tambak Udang Tradisional Di Pesisir Wundulako Dan Pomalaa Kolaka. *Journal of Fisheries and Marine Research*, 5(3): 547–556. doi: 10.21776/ub.jfmr.2021.005.03.5
- Pariakan, A., Rahim, R., & Indrayani, I., 2024. Karakteristik Dan Kesesuaian Lahan Tambak Udang Vaname (*Litopenaeus vannamei*) Di Kabupaten Kolaka. *Buletin Oseanografi Marina*, 13(2): 166–176. doi: 10.14710/buloma.v13i2.50925
- Schryver, P., Defoirdt, T., & Sorgeloos, P., 2014. Early Mortality Syndrome Outbreaks: A Microbial Management Issue in Shrimp Farming. *PLOS Pathogens*, 10(4): e1003919. doi : 10.1371/journal.ppat.1003919
- Thitamadee, S., Prachumwat, A., Srisala, J., Jaroenlak, P., Salachan, P.V., Sritunyalucksana, K., Flegel, T.W., & Itsathitpaisarn, O., 2016. Review of current disease threats for cultivated penaeid shrimp in Asia. *Aquaculture*, 452: 69–87. doi: 10.1016/j.aquaculture.2015.10.028
- Tille, P.M. 2022. Bailey & Scott's diagnostic microbiology. Fifteenth edition. St. Louis, Missouri: Elsevier.
- Van Rossum, T., Ferretti, P., Maistrenko, O.M. & Bork, P., 2020. Diversity within Species: Interpreting Strains in Microbiomes. *Nature Reviews Microbiology* 18(9): 491–506. doi: 10.1038/s41579-020-0368-1.
- Widyastana, I.W.Y., Kawuri, R., & Dalem, A.A.G.R., 2015. Keberadaan Bakteri patogen *Vibrio cholera* pada Beberapa Hasil Perikanan yang Dijual di Pasar Tradisional Kota Denpasar. *Jurnal Metamorfosa*, 2(1): 16–22.
- Yingeng, W., Yongxiang, Y., Xiao, L., Yonggang, Z., Zheng, Z., Meijie, L., Bin, L., Xinxin, C., Xiaojun, R., & Kun, L. 2021. Pathogens and histopathological characteristics of shrimp postlarvae bacterial vitrified syndrome (BVS) in the *Litopenaeus vannamei*. *Journal of Fisheries of China*, 45(9): 1563–1573. doi: 10.11964/jfc.20200912396
- Zhang, X.H., He, X., & Austin, B. 2020. *Vibrio harveyi*: a serious pathogen of fish and invertebrates in mariculture. *Marine life science and technology*, 2(3): 231–245. doi: 10.1007/s42995-020-00037-z