

Keanekaragaman Bakteri Pada Saluran Pencernaan *Eel Elver Wild*

Dea Amalia, Syifa Nur Rahmah
Universitas Pendidikan Indonesia
E-mail: deaamalia8889@gmail.com

Abstrak

Ikan Sidat (*Anguilla bicolor*) merupakan salah satu famili anguillidae yang penyebarannya sangat luas yakni di daerah tropis dan subtropis. Daging pada ikan sidat kaya akan protein, vitamin, asam lemak, dan unsur mikro serta unsur hara. Salah satu aspek yang berkontribusi terhadap kesehatan ikan sidat adalah keseimbangan mikrobiota yang menghuni saluran pencernaan yang dapat membantu dalam mencerna makanan, penyerapan nutrisi dan imunitas. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan *Eel Elver Wild*. Keanekaragaman mikrobiota usus pada ikan sidat dapat dianalisis dengan sikuensing metagenomik 16S rRNA melalui teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS). Sampel berupa saluran pencernaan dari esofagus sampai ujung anus hingga mencapai 100 mg atau 0,1 gr diperoleh dari 50 ekor ikan sidat fase *elver* yang berlokasi di Desa Giri Mekar. Data berupa daftar keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan ikan sidat fase *elver* dihitung menggunakan Indeks *Shannon-Wiener*. Hasil penelitian menunjukkan keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan sidat *elver wild* disusun oleh filum dominan Proteobacteria, Firmicutes dan Bacteroidetes. Kelas dominan Clostridia dan Bacteroidia. Genus *Lactobacillus*, *Pseudomonas*, *Arenimonas*, *Parasutterella*, *Proteus*, *Aeromonas* dan lain-lain, serta beberapa bakteri yang tidak terklasifikasi.

Kata Kunci : *Anguilla bicolor*, Pakan Sidat, Keanekaragaman Mikroba Usus Sidat

Abstract

The Indonesian shortfin eel (*Anguilla bicolor*) is a member of the family Anguillidae with a wide distribution across tropical and subtropical regions. Its flesh is rich in protein, vitamins, fatty acids, trace elements, and essential nutrients. One of the key factors contributing to eel health is the balance of the gut microbiota, which plays an important role in food digestion, nutrient absorption, and immune function. This study aimed to investigate the bacterial diversity in the digestive tract of wild eel elvers. Gut microbiota diversity was analyzed using 16S rRNA metagenomic sequencing through Next-Generation Sequencing (NGS) technology. Digestive tract samples, extending from the esophagus to the anus, with a total weight of approximately 100 mg (0.1 g), were collected from 50 wild elver-stage eels obtained from Giri Mekar Village. The bacterial diversity data were analyzed using the Shannon–Wiener Diversity Index. The results showed that the gut microbiota of wild eel elvers was predominantly composed of the phyla **Proteobacteria**, **Firmicutes**, and **Bacteroidetes**. The dominant bacterial classes were **Clostridia** and **Bacteroidia**. The most abundant genera included **Lactobacillus**, **Pseudomonas**, **Arenimonas**, **Parasutterella**, **Proteus**, **Aeromonas**, and several unclassified bacterial taxa.

Keywords: *Anguilla bicolor*, Eel Feed, Gut Microbial Diversity, Wild Eel Elver.

PENDAHULUAN

Ikan Sidat (*Anguilla bicolor*) merupakan salah satu famili anguillidae. Bentuk tubuhnya silindris memanjang dengan dilapisi sisik halus, sirip punggungnya panjang menyatu dengan sirip ekor, sirip dada berbentuk cuping dengan jari-jari sirip berjumlah 14-18 buah. Tubuh sidat dilapisi lendir yang membantu pergerakannya. (Cholik *et al.*, 2005).

Ikan sidat merupakan ikan yang penyebarannya sangat luas yakni di daerah tropis dan subtropis (Rahmawati *et al.*, 2014). Sidat hidup di dua jenis perairan. Ikan Sidat termasuk dalam golongan ikan katadromik, yaitu memijah di laut dalam, namun ketika telur menetas menjadi larva, larva mengalami metamorfosis menjadi *elver* atau *glass eel*, maka *glass eel* akan berpindah ke muara sungai yang memiliki salinitas lebih rendah. Fase larva sampai menjelang dewasa hidup di sungai, setelah dewasa menuju laut dalam untuk bereproduksi. Sidat dapat beradaptasi pada suhu 12-31°C dengan kadar salinitas 0-35_{ppt}. Larva sidat disebut *glass eel*, bertubuh lebar seperti daun dan transparan. Setelah berukuran sekitar 12 cm disebut *Elver*. Selanjutnya menjadi *fingerling* kemudian menjadi sidat dengan ukuran 80 cm hingga satu meter (Suitha dan Suhaeri, 2008). Salinitas dan turbiditas mempengaruhi jumlah *Elver* di suatu daerah. *Elver* lebih menyukai habitat dengan salinitas rendah dan turbiditas tinggi. Fase perubahan *glass eel* menjadi *elver*

ditandai dengan perubahan warna bening menjadi berwarna kuning kecoklatan, kehijauan atau kehitaman. Pada masa tersebut *elver* memiliki panjang 9-11 cm dan bobot 2,8-3,2 gr (Roy, 2013).

Menurut Roy (2013), daging sidat kaya akan protein, vitamin (vit. A, B1, B2), asam lemak (asam lemak omega) dan unsur mikro serta unsur hara seperti Zn. Pakan yang biasa digunakan dalam pembesaran sidat adalah pakan buatan yang memiliki kadar protein 40-55%. Khusus pada pasta digunakan untuk benih sidat, dicampur berbagai jenis vitamin 2,5% dari total pakan yang ditujukan untuk menambah laju pertumbuhan (Cholik *et al.*, 2005). Menurut Sasongko *et al* (2007), larva yang baru menetas pada fase *preleptocephale* dan fase *leptocephale* akan memakan kepiting. Pada fase *elver* mulai memakan hewan kecil seperti anak kepiting, anak udang, cacing kecil dan anak kerang. Formulasi pakan untuk *elver* sidat antara lain: tepung ikan 75%, tepung tapioka 10%, mineral mix 4%, vitamin mix 2%, minyak ikan 2%, minyak jagung 2% dan CMC 5%. Menurut penelitian Airin dan Cyska (2015), pakan yang memiliki kecernakan tinggi dan dapat dicerna dalam saluran pencernaan memiliki pengaruh yang besar terhadap pertumbuhan dan kelangsungan hidup benih sidat.

Salah satu aspek yang berkontribusi terhadap kesehatan ikan sidat adalah keseimbangan mikrobiota yang menghuni saluran pencernaan. Komunitas mikroba yang

terdapat dalam saluran pencernaan memainkan peran penting dalam perkembangan, fisiologi dan kesehatan inang (Mueller *et al.*, 2012). Peran mikroba tersebut turut andil dalam mendukung kesehatan inang karena fungsi mikrobiota dalam saluran pencernaan adalah dapat membantu dalam mencerna makanan, penyerapan nutrisi dan imunitas (Gajardo *et al.*, 2012).

Saat ini, penelitian biologi tentang *A.bicolor bicolor* belum banyak dilakukan. Informasi mengenai komunitas mikroorganisme yang ada di saluran pencernaan *A. bicolor bicolor* khususnya fase *Elver* pun masih belum banyak ditemukan. Untuk itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan *Eel Elver Wild*.

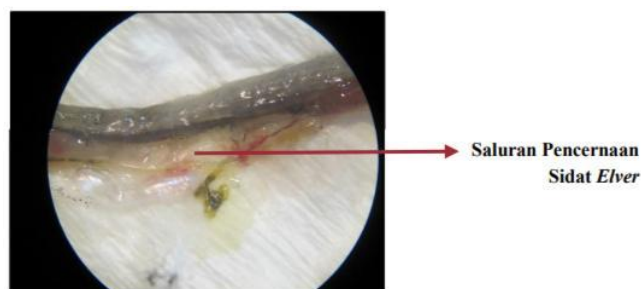
METODE

Kegiatan penelitian dan pencarian data sekunder dilakukan di tempat tinggal masing-masing anggota. Fasilitas yang digunakan dalam pencarian data sekunder yaitu perangkat komputer atau laptop yang terkoneksi jaringan internet.

Penelitian ini dilakukan secara daring dengan pendekatan Analisis Data Sekunder (ADS). ADS merupakan metode dengan memanfaatkan data sekunder sebagai sumber data. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah deskriptif. Metode ini tidak terbatas pada pengumpulan data tetapi juga meliputi interpretasi dari data yang telah didapatkan. Data dikumpulkan dari penelitian Kusumawaty, 2019.

Deskripsi Sampel

Sampel yang digunakan pada penelitian ini yaitu saluran pencernaan dari esofagus sampai ujung anus hingga mencapai 100 mg atau 0,1 gr (Gambar 1). Sampel diambil dari 50 ekor ikan sidat fase *elver* yang berlokasi di Desa Giri Mekar, Bandung.



Gambar 1. Saluran Pencernaan Ikan Sidat *Elver*
(Augustine, 2020)

Hasil analisis data disajikan dalam bentuk tabel. Data yang diharapkan dari penelitian ini yaitu berupa daftar keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan ikan sidat fase *elver*. Keanekaragaman mikrobiota usus pada ikan

sidat dapat dianalisis dengan sikuensing metagenomik 16S rRNA melalui teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS). Panjang untai DNA yang disikuens menggunakan metode NGS yaitu sekitar 25-500 base pair (bp) tetapi dapat dibaca hingga ribuan kali. Metode NGS menghasilkan data yang lebih banyak dengan waktu yang lebih singkat (Metzker, 2010).

Penentuan nilai indeks keanekaragaman menggunakan rumus *Shannon-Wiener* (Odum, 1993) dan indeks keanekaragaman Simpson, sebagai berikut:

$$H' = - \sum p_i \ln p_i$$

Keterangan :

H' = Indeks keanekaragaman

$p_i = n_i/N$

n_i = Jumlah individu jenis ke-i

N = Jumlah total individu

Kisaran nilai indeks keanekaragaman dapat diklasifikasikan sebagai berikut:

$H' > 3$: Keanekaragaman spesies tinggi

$1 \leq H' \leq 3$: Keanekaragaman spesies sedang

$H' < 1$: Keanekaragaman spesies rendah

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan ikan sidat fase *e/ver* budidaya berdasarkan hasil analisis metagenomik dengan menggunakan metode NGS (Tabel 1).

Tabel 1. Keanekaragaman Bakteri pada Saluran Pencernaan *Eel Elver Wild*

No.	Nama Filum	Nama Kelas	Detail Taksonomi
1	Firmicutes	Clostridia	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Lachnospiraceae; g__Lachnospiraceae_UCG-001; s__
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Ruminococcaceae; g__Ruminococcus_1; s__
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Ruminococcaceae; g__Anaerotruncus; s__
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Ruminococcaceae; g__unidentified_Ruminococcaceae
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Ruminococcaceae; g__[Eubacterium]_coprostanoligenes_group; s__
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Clostridiales_vadinBB60_group; g__s__
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Clostridiaceae_1; g__Clostridium_sensu_stricto_1
			k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Clostridia; o__Clostridiales; f__Christensenellaceae; g__Christensenellaceae_R-7_group; s__
		Bacilli	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Bacilli; o__Lactobacillales; f__Lactobacillaceae; g__Lactobacillus; s__Lactobacillus_parallelarius
2	Actinobacteria	Erysipelotrichia	k__Bacteria; p__Firmicutes; c__Erysipelotrichia; o__Erysipelotrichales; f__Erysipelotrichaceae; g__Turicibacter; s__
		Coriobacteria	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Coriobacteria; o__Coriobacteriales; f__Coriobacteriaceae; g__Coriobacteriaceae_UCG-002; s__
		Thermoleophilia	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Thermoleophilia; o__Gaiellales; f__Acidothermaceae; g__Acidothermus; s__Thermomonosporaceae_bacterium_YE4-D4-16-CH2
		Unidentified	k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Unidentified_Actinobacteria; o__Frankiales; f__Micrococcales
			k__Bacteria; p__Actinobacteria; c__Unidentified_Actinobacteria; o__Micrococcales
			k__Bacteria; p__Tenericutes; c__Mollicutes; o__Mollicutes_RF9; f__g__s__(3)
3	Tenericutes	Mollicutes	k__Bacteria; p__Tenericutes; c__Mollicutes; o__Mollicutes_RF9; f__g__s__(3)
			k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__Unidentified_Gemmatimonadetes; o__Gemmatimonadales; f__Gemmatimonadaceae
			k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__S0134_terrestrial_group; o__f__g__s__
4	Gemmatimonadetes	Unidentified	k__Bacteria; p__Gemmatimonadetes; c__S0134_terrestrial_group; o__f__g__s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Bacteroidia; o__Bacteroidales; f__Bacteroidales_S24-7_group; g__s__(8)
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Sphingobacteriia; o__Sphingobacteriales; f__Chitinophagaceae(2)
		Sphingobacteriia	k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Sphingobacteriia; o__Sphingobacteriales; f__Sphingobacteriaceae; g__Nubsella; s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Cytophagaceae; g__Hymenobacter
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Cytophagaceae; g__Flectobacillus; s__
5	Bacteroidetes	Bacteroidia	k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
		Cytophagia	k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
			k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Cytophagia; o__Cytophagales; f__Flammeovirgaceae; g__Candidatus_Amoebophilus; s__
6	Proteobacteria	Flavobacteriia	k__Bacteria; p__Bacteroidetes; c__Flavobacteriia; o__Flavobacteriales; f__Flavobacteriaceae; g__Flavobacterium; s__Chryseobacterium_sp_HMD2166(2)
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Sphingomonadales; f__Sphingomonadaceae; g__Rhizorhapis; s__
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhizobiales; f__Rhizobiaceae; g__Azospirillum; s__
		Betaproteobacteria	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Alphaproteobacteria; o__Rhizobiales; f__Rhizobiaceae; g__Azospirillum; s__
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Betaproteobacteria; o__Burkholderiales; f__Comamonadaceae
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Pseudomonadales; f__Moraxellaceae; g__Acinetobacter; s__Acinetobacter_brisouii
		Gammaproteobacteria	k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Enterobacteriales; f__Enterobacteriaceae
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Pseudomonadales; f__Pseudomonadaceae; g__Pseudomonas
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Xanthomonadales; f__Xanthomonadaceae; g__Arenimonas
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Aeromonas; s__
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Aeromonas; s__
			k__Bacteria; p__Proteobacteria; c__Gammaproteobacteria; o__Aeromonadales; f__Aeromonadaceae; g__Aeromonas; s__
7	Cyanobacteria	Chloroplast	k__Bacteria; p__Cyanobacteria; c__Chloroplast; o__unidentified_Chloroplast; f__unidentified_Chloroplast; g__unidentified_Chloroplast
8	Nitrospirae	Nitrospira	k__Bacteria; p__Nitrospirae; c__Nitrospira; o__Nitrospirales; f__Nitrospiraceae; g__s__
9	Fusobacteria	Fusobacteriia	k__Bacteria; p__Fusobacteria; c__Fusobacteriia; o__Fusobacteriales
10	Chloroflexi	Caldilineae	k__Bacteria; p__Chloroflexi; c__Caldilineae; o__Caldilineales; f__Caldilineaceae; g__s__
11	Elusimicrobia	Unidentified	k__Bacteria; p__Elusimicrobia; c__Unidentified_Elusimicrobia; o__Lineage_IIa; f__g__s__

Hasil perhitungan parameter struktur komunitas bakteri pada pencernaan sidat *elver* diperoleh nilai indeks keanekaragaman jenis seperti tercantum pada Tabel 2. Tampak bahwa nilai indeks keanekaragaman *Shannon-Wiener* (H1) berkisar **0,320892**. Komunitas bakteri pada pencernaan sidat *elver* ini berada dalam kategori keragaman “rendah”, karena nilai $H' < 1$. Dari total 149 bakteri hanya 8 spesies yang teridentifikasi sehingga mempengaruhi nilai indeks keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan sidat *elver* menjadi rendah.

Tabel 2. Indeks Keanekaragaman Bakteri pada Saluran Pencernaan *Eel Elver Wild*

No.	Spesies	ni	pi	ln pi	pi x ln pi
1	<i>Lactobacillus paralimentarius</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
2	<i>Acinetobacter brisouii</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
3	<i>Proteus mirabilis</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
4	<i>Neochloris aquatica</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
5	<i>Staurastrum punctulatum</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
6	<i>Chitinimonas taiwanensis</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
7	<i>Leptolyngbya boryana</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
8	<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	1	0,006711	-5,00395	-0,03358
9	Unidentified	141	0,946309	-0,05519	-0,05222
		149			0,320892

Berdasarkan data kelimpahan OTU, struktur komunitas bakteri saluran pencernaan sidat *elver wild* tersusun oleh bakteri yang teridentifikasi, pada tingkat phylum diantaranya : Firmicutes, Actinobacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Tenericutes, Proteobacteria, Cyanobacteria, Nitrospirae, Chloroflexi dan Tenericutes. Dengan phylum dominan yaitu Proteobacteria, Firmicutes dan Bacteroidetes. Pada tingkat kelas, bakteri yang teridentifikasi diantaranya : Clostridia, Coriobacteriia, Bacteroidia, Mollicutes, Sphingobacteriia, Bacilli, Thermoleophilia, Alphaproteobacteria, Chloroplast, Cytophagia, Gammaproteobacteria, Betaproteobacteria,

Flavobacteriia, dll. Kelas yang dominan yaitu Clostridia dan Bacteroidia.

Pada tingkat genus, bakteri yang teridentifikasi diantaranya : *Ruminococcus*, *Lactobacillus*, *Parviterribacter*, *Rhizorhapis*, *Hymenobacter*, *Allobaculum*, *Pseudomonas*, *Arenimonas*, *Parasutterella*, *Proteus*, *Aeromonas*, *Flavobacterium*, *Candidatus*, *Chitinimonas*, *Leptolyngbya*, *Acinetobacter*, dan beberapa genus yang tidak teridentifikasi. Pada tingkat spesies, bakteri yang teridentifikasi diantaranya : *Lactobacillus paralimentarius*, *Acinetobacter brisouii*, *Proteus mirabilis*, *Neochloris aquatica*, *Staurastrum punctulatum*,

Leptolyngbya boryana, *Lachnospiraceae bacterium*, dan sisanya tidak teridentifikasi.

Mikrobiota pada hewan akuatik dapat dipengaruhi oleh berbagai faktor, diantaranya: pengaruh spesies, air tempat budidaya, intensitas cahaya, pH, kelembaban tempat pengambilan sampel, dan pengaruh pakan yang juga membawa mikroorganisme ke dalam saluran pencernaan (Widya *et al.*, 2016). Mikrobiota pada saluran pencernaan memiliki fungsi perlindungan yang penting untuk menekan bakteri patogen dan virus, peningkatan produksi lendir atau mukosa usus, dan kompetisi nutrisi (Salminen dan Wright, 1993).

SIMPULAN

Keanekaragaman bakteri pada saluran pencernaan sidat *elver wild* disusun oleh filum dominan: Proteobacteria, Firmicutes dan Bacteroidetes. Kelas dominan: Clostridia dan Bacteroidia. Genus *Lactobacillus*, *Pseudomonas*, *Arenimonas*, *Parasutterella*, *Proteus*, *Aeromonas* dan lain-lain, serta beberapa spesies bakteri yang tidak teridentifikasi.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Airin Y. L. Dairi, Cyska Lumenta. 2015. *Pakan diameter berbeda bagi pertumbuhan benih sidat (Anguilla sp)*. FPIK Unsrat Manado. Vol. 3 No. 3: 30-41

- [2] Augustine, S. M. N. 2020. *Struktur Komunitas Dan Keanekaragaman Bakteri Pada Saluran Pencernaan Sidat Elver Budidaya Berdasarkan Analisis Metagenomik*. Universitas Pendidikan Indonesia. [repository.upi.edu](https://repository.upi.edu/perpustakaan.upi.edu).
- [3] Cholik, F., Jagatraya, A.G., Poernomo, R.P., dan Jauzi, A. 2005. *Akuakultur: Tumpuan Harapan Masa Depan Bangsa. Masyarakat Perikanan Nusantara dan Taman Akuarium Air-TMII*. Jakarta,.
- [4] Gajardo, K., Rodiles, A., Kortner, T. M., Krogh, A., Bakke, A. M., Merrifield, D. L., & Sørum, H. 2016. *A high-resolution map of the gut microbiota in Atlantic salmon (Salmo salar): A basis for comparative gut microbial research*. Scientific Reports, 6(1). doi: [10.1038/srep30893](https://doi.org/10.1038/srep30893).
- [5] Lestari, N. W. Budiharjo and A. Pangastuti. 2016. *Bakteri Heterotrof Aerobik Asal Saluran Pencernaan Ikan Sidat (Anguilla Bicolor Bicolor) Dan Potensinya Sebagai Probiotik*. Bioteknologi . Vol 13 (1): 9-17.
- [6] Metzker, M. 2010. *Sequencing technologies. The next generation*. Nat. Rev. Genet. 11, 31–46. doi: [10.1038/nrg2626](https://doi.org/10.1038/nrg2626).
- [7] Mueller, K., Ash, C., Pennisi, E., & Smith, O. 2012. *The Gut Microbiota*. Science. 336(6086), 1245–1245. doi: [10.1126/science.336.6086.1245](https://doi.org/10.1126/science.336.6086.1245).

- [8] Odum, E.P. (1993). *Dasar-dasar Ekologi. (Edisi Ketiga)*. Yogyakarta: Gadjah Mada University Press.
- [9] Rahmawati FF. 2015. *Suplementasi mikrokapsul probiotik melalui pakan sebagai pencegah infeksi streptococcosis pada ikan nila (Oreochromis niloticus)*. Tesis. Institut Pertanian Bogor. 43 p.
- [10] Roy, R. 2013. *Budi Daya Sidat*. Agromedia Pustaka. 70 hlm.
- [11] Salminen S, von-Wright A. 1993. *Lactic Acid Bacteria*. Marcel Dekker. New York.
- [12] Sasongko, Agus., J. Purwanto, S. Mu'minah dan U. Arie. 2007. *Sidat. Penebar Swadaya*; Jakarta. Hlm. 5-74.
- [13] Suitha, I. M dan A. Suhaeri. 2008. *Budidaya Sidat*. PT. Agromedia pustaka : Jakarta. Hal 1-27.
- [14] Widya L, N., Budiharjo A., Pangastuti A. 2016. *Bakteri heterotrof aerobik asal saluran pencernaan ikan sidat (Anguilla bicolor bicolor) dan potensinya sebagai probiotik*. Bioteknologi 13 (1): 9-17. DOI: [10.13057/biotek/c130102](https://doi.org/10.13057/biotek/c130102)