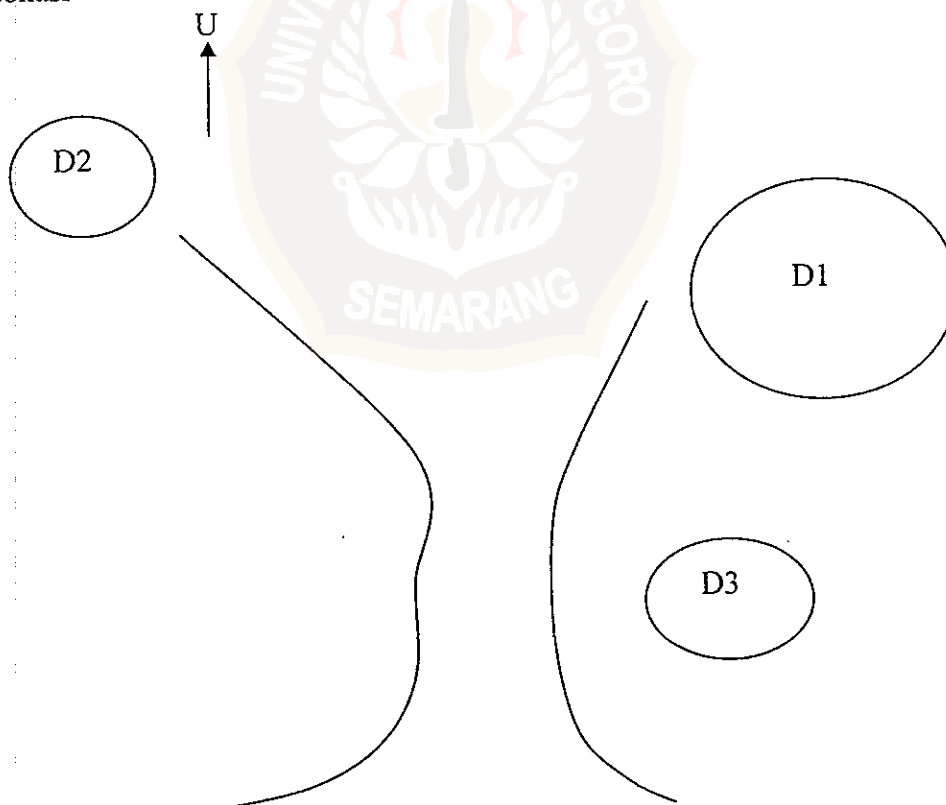


Lampiran A. Data Fisik dan Peta Lokasi Kawah Sikidang Dieng pada Tanggal 14 Maret 2005

1. Data fisik

No.	Nama Sumber	Suhu (°C)	pH	Keterangan Lain
1.	Dieng 1	90	2	Abu-abu (air+lumpur) (pekat), berminyak, tidak ada tanaman, batuan berwarna hitam, sulfatarik.
2.	Dieng 2	57	1	Air kuning kehijauan (agak keruh), batuan: kuning, coklat, hijau, tidak ada tanaman, sulfatarik.
3.	Dieng 3	75	2	Air putih kehijauan (agak jernih), batuan: Hijau, kuning, abu-abu, tidak ada tanaman, sulfatarik.

2. Peta Lokasi



Lampiran B. Preparasi Larutan

1. Pembuatan larutan tris-HCl 100 X, pH 8

Sebanyak 12,1 g tris HCL dilarutkan dalam 80 mL akuades dan pH diatur dengan penambahan 4,2 mL HCl pekat. Kemudian ditambahkan akuades hingga volume 100 mL. Sterilisasi dengan autoklaf.

2. Pembuatan larutan tris-HCl 1M, pH 8

Sebanyak 15,764 g tris-HCl dilarutkan dalam 80 mL akuades, kemudian pH diatur dengan penambahan NaOH hingga pH 8. Akuades kembali ditambahkan hingga volume 100 mL. Selanjutnya larutan disterilisasi dengan autoklaf.

3. Larutan EDTA 0,5 M, pH 8

Sejumlah 18,61 g EDTA dilarutkan dalam 80 mL akuades dan pH diatur dengan penambahan pelet NaOH. Volume dibuat hingga 100 mL dengan menambahkan akuades. Larutan disimpan dalam lemari pendingin.

4. Larutan KH_2PO_4 0,5 M

Sebanyak 0,6805 g kristal KH_2PO_4 diencerkan hingga volume 10 mL.

5. Larutan NaCl 3 M

Sebanyak 1,7550 g kristal NaOH dilarutkan dalam akuades dan diencerkan hingga volume 10 mL.

6. Bufer ekstraksi 10 mL (100mM tris-HCl, 100mM EDTA pH 8, 100mM

KH_2PO_4 , 1,5 M NaCl)

Untuk membuat 10 mL bufer ekstraksi dengan konsentrasi tersebut diperlukan 1 mL tris-HCl pH 8 1M, 2 mL EDTA 0,5 M pH 8, 0,5 M, 2 mL KH_2PO_4 , dan 1 mL NaCl 1,5 M. Selanjutnya ditambahkan 4 mL akuades.

7. Akrilamida 10% (37,5 akrilamida : 1 bis-akrilamida)

Sebanyak 14,61 g akrilamida dan 0,39 g bis-akrilamida dilarutkan dengan akuades hingga volume 150 mL.

8. Bufer TE (Tris-EDTA) pH 8

Larutan Tris-Cl 100 mM (pH 8) ditambah dengan 10 mM EDTA (pH 8)

9. Bufer TAE (Tris Acetat EDTA) 50X

Sebanyak 24,2 g Tris HCl ditambah dengan 5,71 mL asam asett glasial dan 100 mL EDTA 0,5 M (pH 8)

10. *Loading buffer*

Sukrosa 40 % (w/v) ditambahkan dengan *brom fenol biru* 0,25 % (w/v)

11. Natrium asetat 3M, pH 4,8

Sebanyak 40,8 g Natrium asetat dilarutkan dalam 80 mL akuades. PH diatur dengan menambahkan asam asetat glasial, dan tamhakan akuades hingga volume 100 mL. Larutan disterilisasi dengan autoklaf.

12. Bufer denaturasi 5X (0,5 M NaCl, 100 mM EDTA)10 mL

Sebanyak 1,66 mL larutan NaCl 1 M ditambah 2 mL larutan EDTA 0,5 M kemudian diencerkan hingga volume 10 mL.

Lampiran C. Data Absorbansi Bakteri pada Berbagai Variasi Temperatur Inkubasi

Temperatur inkubasi (°C)	Absorbansi pada panjang gelombang 520 nm (°A)	
	Kultur A	Kultur B
40	0,001	0,003
45	0,003	0,007
50	0,004	0,056
55	0,047	0,070
60	0,023	0,072
65	0,057	0,160
70	0,012	0,380
75	0,016	0,201
80	0,004	0,210
85	0,001	0,001



Lampiran D. Data Simulasi Primer dengan Program Primer Select-DNA STAR

Upper Primer: P1 16-mer 5' ATGGCTGTCGTCAGCT 3'		
Lower Primer: P3 15-mer 5' ACGGGCGGTGTGTAC 3'		
DNA 250 pM, Salt 50 mM	Upper Primer	Lower Primer
Primer Tm	42.6 °C	43.6 °C
Primer Overall Stability	-30.7 kc/m	-30.9 kc/m
Primer Location	1015..1030	1367..1353
Product Tm - Primer Tm	38.2 °C	
Primers Tm Difference	1.0 °C	
Optimal Annealing Temperature	54.4 °C	
Product Length	353 bp	
Product Tm (%GC Method)	80.8 °C	
Product GC Content	55.5%	
Product Tm at 6xSSC	102.4 °C	

Product Melting Temperature (%GC Method)

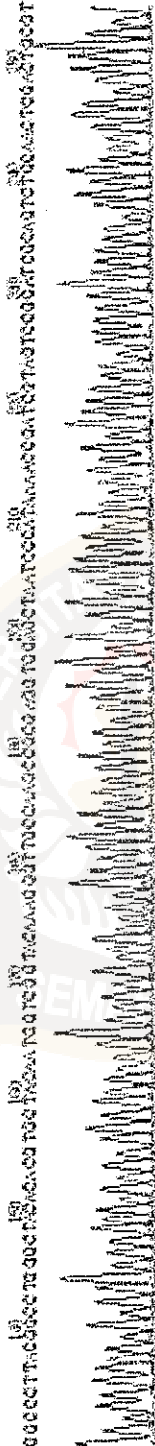
Salt			Formamide			
mM	xSSC	xSSPE	0%	10%	20%	50%
1	0.005	0.006	52.6	46.1	39.6	20.1
10	0.051	0.062	69.2	62.7	56.2	36.7
50	0.256	0.312	80.8	74.3	67.8	48.3
165	0.846	1.031	89.4	82.9	76.4	56.9
330	1.692	2.062	94.4	87.9	81.4	61.9
500	2.564	3.125	97.4	90.9	84.4	64.9
1000	5.128	6.250	102.4	95.9	89.4	69.9
195	1.000	1.219	+ 0.0	%formamide = Tm 102.4 °C		

Lampiran E. Profil Elektroforegram dan Urutan Nukleotida Hasil Sekuensing



File: 051107-02_L01_AD3-P1.ab1 Run End: 2005/11/03 09:39:7 Signal: 6.2467, 4.1558 C:1700 I:1443
Sample: AD3_P1 Lane: 3 Base Calling: 14.318999 547 bases in 4635 scans Page 1 of 1

100 200 300 400 500 600 700 800 900 1000 1100 1200 1300 1400 1500 1600 1700 1800 1900 2000 2100 2200 2300 2400 2500 2600 2700 2800 2900 3000 3100 3200 3300 3400 3500 3600 3700 3800 3900 4000 4100 4200 4300 4400 4500 4600 4700 4800 4900 5000 5100 5200 5300 5400 5500 5600 5700 5800 5900 6000 6100 6200 6300 6400 6500 6600 6700 6800 6900 7000 7100 7200 7300 7400 7500 7600 7700 7800 7900 8000 8100 8200 8300 8400 8500 8600 8700 8800 8900 9000 9100 9200 9300 9400 9500 9600 9700 9800 9900 10000



Urutan nukleotida elektroforegram data tersebut adalah:

>051107-02_L01_AD3-P1.ab1 345 0 345 ABI
NCCTCCTCAAGATCGNTAGTCCNTACGAGCGCACCCCTTGGTCCCTTAGTTACAGCACGTTATGCTGGGCACCTCTAAGGAGACTGCCGTGTGACAAACCGG
AGGAAGGTGGGATGACGTCAGTCATCATGGCCCTTACGGCCCTGGGCTACACAGGTCGTACAATGGTCCGTACAAGGGTTCCCAAGCCCGGAGGTGGA
GCTAATCCCATATAAACCGATCGTAGTCCGGATCGGAGTCCGACTCGCAACTCGGAGTCCGGAATCGCTAGTAATCCGGAATCAGAATGTCCGGCGGTGAA
TACGTTCCGGGGCCTTGTACCAACCGCCCGTAAGNNNNNNNN

Lampiran F. Data BLAST Hasil Sekuensing dengan *data base GenBank***BLASTN 2.2.12 [Aug-07-2005]****Reference:**

Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.

RID: 1132661090-22175-28458078559.BLASTQ1

Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS, GSS, environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
3,580,638 sequences; 15,997,482,384 total letters

If you have any problems or questions with the results of this search please refer to the [BLAST FAQs](#)

Taxonomy reports**Query=**

(307 letters)

Sequences producing significant alignments:		Score (Bits)	E Value
gi 56684772 gb AY839565.1 	Burkholderia sp. CCBAU23014 16S ri...	553	1e-154
gi 77380231 gb CP000094.1 	Pseudomonas fluorescens Pf0-1, comple	553	1e-154
gi 48093074 gb AY622220.1 	Pseudomonas fluorescens strain Pf1...	553	1e-154
gi 51339872 gb AY689073.1 	Pseudomonas sp. 9C_20 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 51339871 gb AY689072.1 	Pseudomonas sp. 9C_19 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 66276740 gb AY998984.1 	Pseudomonas sp. CPA30 small subuni...	553	1e-154
gi 40019084 gb AY486385.1 	Pseudomonas fluorescens strain AU2...	553	1e-154
gi 45826475 gb AY573031.1 	Pseudomonas sp. ARCTIC-P37 16S rib...	553	1e-154
gi 56292065 emb AJ512394.1 	PSP512394 Pseudomonas sp. RE50 partia	553	1e-154
gi 37930257 gb AY236959.1 	Pseudomonas sp. PCL1171 16S riboso...	553	1e-154
gi 37702642 gb AY395028.1 	Uncultured gamma proteobacterium c...	553	1e-154
gi 38455337 gb AY447046.1 	Pseudomonas fluorescens strain CPF...	553	1e-154
gi 71043399 gb AY539821.1 	Gamma proteobacterium LC-G-2 small...	553	1e-154
gi 23477309 gb AF521651.1 	Pseudomonas sp. 7-1 16S ribosomal RNA	553	1e-154
gi 68342549 gb CP000076.1 	Pseudomonas fluorescens Pf-5, complet	553	1e-154
gi 22218198 gb AF529319.1 	Uncultured gamma proteobacterium c...	553	1e-154
gi 26005861 dbj AB075089.1 	Uncultured bacterium gene for 16S...	553	1e-154
gi 21105590 gb AF509334.1 	Pseudomonas sp. HS21 16S ribosomal RN	553	1e-154
gi 68160360 gb DQ084462.1 	Pseudomonas sp. CSS-1 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 67974758 gb DQ095904.1 	Pseudomonas fluorescens strain S16...	553	1e-154
gi 17863920 gb AF448037.1 	AF448037 Pseudomonas sp. SCD-14b 16...	553	1e-154
gi 16904370 gb AF438148.1 	AF438148 Pseudomonas sp. AMSN 16S ribo	553	1e-154

gi 17220738 gb AY014820.1 	Pseudomonas sp. NZ102 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 17220737 gb AY014819.1 	Pseudomonas sp. NZ101 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 17220736 gb AY014818.1 	Pseudomonas sp. NZ097 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 15705393 gb AF320991.1 AF320991	Pseudomonas gingeri 16S ribos	553	1e-154
gi 15705390 gb AF320988.1 AF320988	Pseudomonas tolaasii strai...	553	1e-154
gi 15430229 gb AF403719.1 AF403719	Gamma proteobacterium MPD-...	553	1e-154
gi 62946338 gb DQ003234.1 	Pseudomonas sp. GP65 16S ribosomal...	553	1e-154
gi 28789513 gb AY196702.1 	Pseudomonas fluorescens strain MM-...	553	1e-154
gi 10567509 gb AF094738.1 AF094738	Pseudomonas putida strain ...	553	1e-154
gi 10567497 gb AF094726.1 AF094726	Pseudomonas fluorescens st...	553	1e-154
gi 9798590 emb AJ278812.1 PFL278812	Pseudomonas fluorescens 16S	553	1e-154
gi 7804924 gb AF251333.1 AF251333	Pseudomonas sp. SV3 16S riboso	553	1e-154
gi 62178564 gb AY970952.1 	Pseudomonas moraviensis strain 1B4...	553	1e-154
gi 55845937 gb AY168750.2 	Uncultured bacterium clone Hot Cre...	553	1e-154
gi 61658503 gb AY942944.1 	Uncultured Pseudomonas sp. clone 1...	553	1e-154
gi 61194509 gb AY951875.1 	Pseudomonas fluorescens 16S riboso...	553	1e-154
gi 60615653 gb AY936495.1 	Pseudomonas sp. RDPT5 16S ribosomal R	553	1e-154
gi 60499613 gb AY947533.1 	Pseudomonas fluorescens strain BOH...	553	1e-154
gi 16416142 emb AJ417073.1 PSP417073	Pseudomonas sp. PF 16S rRNA	553	1e-154
gi 16416141 emb AJ417072.1 PSP417072	Pseudomonas sp. Pf-5 16S rR	553	1e-154
gi 16416140 emb AJ417071.1 PSP417071	Pseudomonas sp. PGNR1 16S r	553	1e-154
gi 58618858 gb AY880843.1 	Pseudomonas sp. SF4c 16S ribosomal RN	553	1e-154
gi 58045562 gb AY866408.1 	Pseudomonas rhizosphaerae strain O...	553	1e-154
gi 18076626 emb AJ308312.1 PPU308312	Pseudomonas putida partial	553	1e-154
gi 3347670 dbj AB016428.1 	Pseudomonas putida gene for 16S rRNA,	553	1e-154
gi 78058243 gb DQ228373.1 	Uncultured bacterium clone BG.d4 1...	545	3e-152
gi 78173005 gb DQ234206.1 	Uncultured Pseudomonas sp. clone D...	545	3e-152
gi 78033716 emb AM111029.1 	Pseudomonas sp. 7029 partial 16S rRN	545	3e-152
gi 56682642 gb AY842149.1 	Endophyte bacterium SS14 16S ribos...	545	3e-152
gi 78033680 emb AM110993.1 	Pseudomonas sp. 3040 partial 16S rRN	545	3e-152
gi 56122928 gb AY838488.1 	Uncultured bacterium clone PE32 16...	545	3e-152
gi 33355857 gb AY271791.1 	Pseudomonas aurantiaca VKM B-816T ...	545	3e-152
gi 55416247 gb AY785740.1 	Pseudomonas sp. OUCZ52A 16S riboso...	545	3e-152
gi 53987909 gb AY748893.1 	Pseudomonas sp. N21.4 16S ribosomal R	545	3e-152
gi 53850872 gb AY747590.1 	Pseudomonas sp. Fa2 16S ribosomal RNA	545	3e-152
gi 73914136 gb DQ102731.1 	Burkholderia sp. RE1-3a 16S riboso...	545	3e-152
gi 73914133 gb DQ102728.1 	Burkholderia sp. SR3-4a 16S riboso...	545	3e-152
gi 53774176 gb AY741354.1 	Burkholderia cepacia strain ATCC 5...	545	3e-152
gi 66392722 emb AJ864855.1 	Pseudomonas sp. J62 partial 16S rRNA	545	3e-152
gi 48479131 gb AY622270.1 	Uncultured gamma proteobacterium c...	545	3e-152
gi 51339876 gb AY689077.1 	Pseudomonas sp. 12A_18 16S ribosomal	545	3e-152
gi 51339873 gb AY689074.1 	Pseudomonas sp. 12A_6 16S ribosomal R	545	3e-152
gi 51339835 gb AY689036.1 	Pseudomonas sp. 3C_10 16S ribosomal R	545	3e-152
gi 51339824 gb AY689025.1 	Pseudomonas sp. 3A_6 16S ribosomal RN	545	3e-152
gi 71564318 gb DQ117554.1 	Bacterium #WM-C11 16S ribosomal RNA g	545	3e-152
gi 71564317 gb DQ117553.1 	Bacterium #WM-C9 16S ribosomal RNA ge	545	3e-152
gi 71089303 gb DQ125608.1 	Uncultured bacterium clone AKAU362...	545	3e-152
gi 70907242 gb DQ104975.1 	Bacterium SRMC-53-8 16S ribosomal RNA	545	3e-152
gi 58702261 gb AY882022.1 	Pseudomonas sp. GD200 16S ribosomal R	545	3e-152
gi 22658449 gb AY131214.1 	Pseudomonas sp. Fa2 16S ribosomal RNA	545	3e-152
gi 32351742 gb AY308054.1 	Pseudomonas sp. AZ22R9 16S ribosomal	545	3e-152
gi 32351740 gb AY308052.1 	Pseudomonas sp. AZ22R3 16S ribosomal	545	3e-152
gi 32351739 gb AY308051.1 	Pseudomonas sp. AZ22R2 16S ribosomal	545	3e-152



Nucleotide

MyNCBI

[Sign In]

[Register]

PubMed

Nucleotide

Protein

Genome

Structure

PMC

Taxonomy

OMIM

Books

Search

Nucleotide

for

Go

You need JavaScript to work with this page.

Limits

Preview/Index

History

Clipboard

Details

Display

GenBank

Show

20

Send to

Range: from

begin

to

end

Reverse complemented strand

Features:

1: [AY622220](#). Reports [Pseudomonas fluor...\[gi:48093074\]](#)

Jump to [Features](#) [Sequence](#)

LOCUS AY622220 1442 bp DNA linear BCT 07-SEP-2004
 DEFINITION *Pseudomonas fluorescens* strain Pfl 16S ribosomal RNA gene, partial
 sequence.
 ACCESSION AY622220
 VERSION AY622220.1 GI:48093074
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pseudomonas fluorescens*
 ORGANISM *Pseudomonas fluorescens*
 Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales; Pseudomonadaceae; *Pseudomonas*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1442)
 AUTHORS Rezzonico, F., Defago, G. and Moenne-Loccoz, Y.
 TITLE Comparison of ATPase-Encoding Type III Secretion System hrcN Genes in Biocontrol Fluorescent *Pseudomonads* and in Phytopathogenic Proteobacteria
 JOURNAL *Appl. Environ. Microbiol.* 70 (9), 5119-5131 (2004)
 PUBMED 15345390
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1442)
 AUTHORS Rezzonico, F.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (12-MAY-2004) Plant Pathology, ETH Zuerich, Universitaetstr. 2, Zuerich, ZH 8092, Switzerland
 FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..1442
 /organism="Pseudomonas fluorescens"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="Pfl"
 /db_xref="taxon:294"
 <1..>1442
 rRNA

/product="16S ribosomal RNA"

ORIGIN

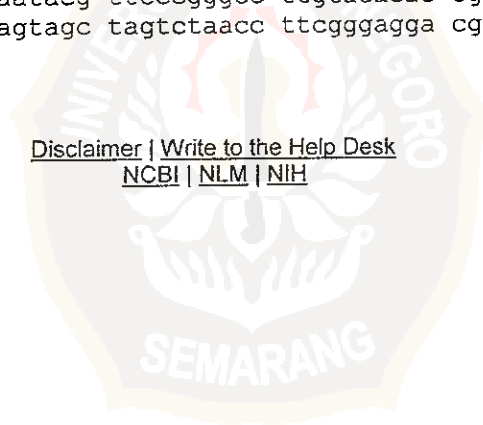
```

1 ctggcggcag gcctacacat gcaagtccag cggcagcacg ggtacttgta cctggtggcg
61 agcggcggac gggtgagtaa tgcctaggaa tctgcctagt agtgggggat aacgtccgga
121 aacggcggct aataccgcat acgtcctacg ggagaaagtg ggggatcttc ggacctcacg
181 ctattagatg agcctaggtc ggattagcta gttggtgagg taatggctca ccaaggcgac
241 gatccgtaac tggctgaga ggatgacag tcacactgga actgagacac ggtccagact
301 cctacgggag gcagcagtg ggaatattgg acaatgggag aaagcctgat ccagccatgc
361 cgcgtgtgtg aagaaggtct tccgattgta aagcacttta agttgggagg aagggcagtt
421 acctaatacg tgattgtttt gacgttaccg acagaataag caccggctaa ctctgtgcca
481 gcagccggcg taatacagag ggtgcaagcg ttaatcggaa ttactgggag taaagcggcg
541 gtaggtggtt tgtaagtgg gatgtgaaag ccccgggctc aacctgggaa ctgcatccaa
601 aactggcaag ctagagtatg gtagaggggtg gtggaatttc ctgtgtagcg gtgaaatgcy
661 taaatatagg aaggaacacc agtggcgaag gcgaccacct ggactgatac tgacactgag
721 gtgcgaaagc gtggggagca aacaggatta gataccctgg tagtccacgc cgtaaaccgat
781 gtcaactagc cgttgggagc cttgagctct tagtggcgca gtaaacgcat taagttgacc
841 gcctggggag tacggccgca aggttaaaac tcaaatgaat tgacgggggc cgcacaagc
901 ggtggagcat gtggtttaat tcgaagcaac gcgaagaacc ttaccaggcc ttgacatcca
961 atgaactttc tagagataga ttggtgcctt cgggaacatt gagacaggtg ctgcatggct
1021 gtcgtcagct cgtgtcgtga gatgttgggt taagtcccgt aacgagcgca acccttgtcc
1081 ttagttacca gcacgttatg gtgggcactc taaggagact gccggtgaca aaccggagga
1141 aggtggggat gacgtcaagt catcatggcc cttacggcct gggctacaca cgtgctacaa
1201 tggtcggtac aaagggttgc caagccgaga ggtggagcta atcccataaa accgatcgta
1261 gtccggatcg cagtctgcaa ctcgactgcy tgaagtcgga atcgctagta atcgcgaaatc
1321 agaattgcyg ggtgaatagc ttcccgggcy ttgtacacac cgcctgtcac accatgggag
1381 tgggttgcac cagaagtagc tagtctaacc ttcggggagga cggttaccac ggtgtgattc
1441 at

```

//

[Disclaimer](#) | [Write to the Help Desk](#)
[NCBI](#) | [NLM](#) | [NIH](#)



Lampiran G. Data *Alignment* Hasil Sekuensing Bakteri Sampel A dengan *Pseudomonas fluorescens* strain Pfl

gi|48093074|gb|AY622220.1| *Pseudomonas fluorescens* strain Pfl 16S ribosomal RNA
gene, partial
sequence
Length=1442

Score = 553 bits (279), Expect = 1e-154
Identities = 301/307 (98%), Gaps = 1/307 (0%)
Strand=Plus/Plus

AD3	1	ACGAGCGCACCCCTGTCCTTAGTTACCAGCACGTTATGGTGGGCACTCTAAGGAGACTG	60
P.f1	1062	ACGAGCGCACCCCTGTCCTTAGTTACCAGCACGTTATGGTGGGCACTCTAAGGAGACTG	1121
AD3	61	CCGTGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGGCCT	120
P.f1	1122	CCGTGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGGCCT	1180
AD3	121	GGGCTACACACGTGCTACAATGGTCGGTACAAAGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAGCTA	180
P.f1	1181	GGGCTACACACGTGCTACAATGGTCGGTACAAAGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAGCTA	1240
AD3	181	ATCCCATAAAACCGATCGTAGTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGA	240
P.f1	1241	ATCCCATAAAACCGATCGTAGTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGA	1300
AD3	241	ATCGCTAGTAATCGCGAATCAGAATGTCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGAC AC	300
P.f1	1301	ATCGCTAGTAATCGCGAATCAGAATGTCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGAC AC	1360
AD3	301	CGCCCGT 307	
P.f1	1361	CGCCCGT 1367	

Keterangan: Query adalah urutan nukleotida sampel, Subject adalah urutan nukleotida pembanding.