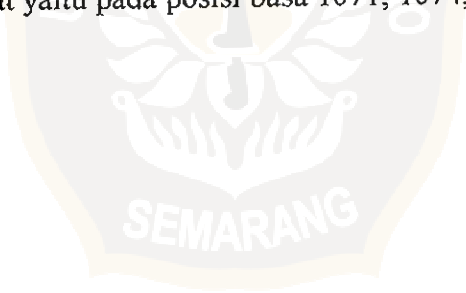


RINGKASAN

Bakteri termofilik asidofil merupakan mikroorganisme yang dapat tumbuh pada temperatur tinggi dan pH rendah. Bakteri ini memiliki sebaran yang luas. Akan tetapi bakteri yang sudah teridentifikasi jumlahnya masih terbatas. Pada penelitian ini dilakukan identifikasi terhadap bakteri termofilik asidofil isolat dari Kawah Sikidang, Dieng, Jawa Tengah.

Analisis dilakukan secara mikrobiologi (uji morfologi dan enzim ekstraseluler) dan genetika molekul. Sampel bakteri diisolasi dan dikulturkan dalam medium A dan medium B. Molekul DNA kromosom sampel bakteri diekstraksi dan dimurnikan selanjutnya diamplifikasi dengan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Varian amplikon fragmen gen 16S rRNA dipisahkan dengan SSCP (*Single-Strand Conformation Polymorphism*), kemudian ditentukan urutan nukleotidanya dengan sekuensing. Pada tahap akhir, dilakukan komparasi dengan *data base GenBank*.

Sampel bakteri merupakan Gram-negatif berbentuk kokus yang dapat tumbuh optimum pada temperatur 65 °C (AD3) dan 70 °C (BD3). Kedua sampel tersebut dapat menghasilkan enzim protease ekstraseluler. Pada analisis PCR, fragmen gen 16S rRNA dapat teramplifikasi sebesar 353 pasang basa (pb). Pola spesifik SSCP sampel AD3 menunjukkan adanya dua spesies bakteri, sedangkan sampel BD3 mempunyai pola *smear*. Analisis data sekuensing spesies spesifik sampel AD3 menunjukkan adanya homologi sebesar 98 % dengan *Pseudomonas fluorescens* strain Pfl dan perbedaan urutan sebesar 2 % disebabkan oleh adanya substitusi di lima tempat yaitu pada posisi basa 1071, 1074, 1076, 1357, 1358 dan insersi pada 1125.



SUMMARY

Thermophilic acidophiles are microorganisms that grow at elevated temperature and low pH. These bacteria have a large dissemination, but the number of identified bacteria are small. This research was done to identify of thermophilic acidophile bacterias isolate of Sikidang Crater's, Dieng, Central Java.

Molecular genetic analysis and microbiological methods (morphology and extracellular enzyme) were used to identify bacteria. Sample bacteria was isolated and cultured on medium A and medium B. Chromosomal DNA was extracted and purified from cultured sample bacteria and 16S rRNA genes fragment was amplified by PCR (Polymerase Chain Reaction) method. The variants of amplicon 16S rRNA gene fragment were separated by SSCP (Single-Strand Conformation Polymorphism) and then the nucleotide sequences determination of 16S rRNA gene fragment used sequencing. Finally, sequencing data was compared with the data base from GenBank.

The sample bacteria were Gram-negative and coccus that grow at optimum temperature 65 °C (AD3) and 70 °C (BD3). Both sample AD3 and BD3 can produced protease extracellular enzyme. On PCR analysis, 353 base pairs of 16S rRNA gene fragment can be amplified. Species spesifics SSCP pattern of sample AD3 were determined for two species and SSCP pattern of sample BD3 were smearing. Sequencing data analysis of species spesific sample AD3 showed 98 % homology with *Pseudomonas fluorecens* stain Pf1 and 2 % different sequence caused by substitution at base position 1017, 1074, 1075, 1357, 1358 and insertion at 1125 position.

