

Identifikasi Molekuler Bakteri Simbion *Spons Spongia* sp. Penghasil Antibakteri

Latifah Ningrum Abdillah^{1*}, Sri Muri Dasa Wardhani¹

¹ Politeknik Kesehatan YRSU Dr. Rusdi Medan, Medan, Indonesia.

Article Info :	Abstract :
Received : November 26, 2025 Revised : December 19, 2025 Accepted : December 29, 2025 Published : January 11, 2026	This study aims to identify antibacterial-producing symbiotic bacteria in sponges using a molecular approach based on 16S ribosomal RNA (16S rRNA) genes as an initial step towards the sustainable use of marine biological resources. A total of six symbiotic bacterial isolates were successfully isolated from <i>Spongia</i> sp. sponges and exhibited differences in colony morphology characteristics. All isolates were tested for antibacterial activity against <i>Escherichia coli</i> and <i>Bacillus subtilis</i>. The test results showed that all isolates had the ability to inhibit the growth of test bacteria with inhibition zone diameters ranging from 5.0–8.5 mm against <i>E. coli</i> and 6.0–9.0 mm against <i>B. subtilis</i>. Among all isolates, Sp2 exhibited the highest antibacterial activity and was broad-spectrum, with stronger inhibitory power against Gram-positive bacteria. Isolate Sp2 was further molecularly identified using the 16S rRNA gene. Amplification results showed a DNA fragment of approximately 520 base pairs. Phylogenetic analysis based on the 16S rRNA gene sequence placed isolate Sp2 within the <i>Bacillus</i> genus, with the closest affiliation to <i>Bacillus subtilis</i> and supported by high bootstrap values, indicating a strong genetic relationship. Overall, the results of this study indicate that isolate Sp2 is the most promising symbiotic bacterium of the sponge <i>Spongia</i> sp. as a producer of antibacterial compounds against <i>E. coli</i> and <i>B. subtilis</i>. This isolate has the potential to be further developed as a source of antibacterial bioactive compounds, thus requiring further research to identify and characterize the active compounds it produces.
Corresponding Author: Latifah Ningrum Abdillah latifahabdillah1999@gmail.com	
DOI: https://doi.org/10.29303/3vtdhq40	
Keyword:	
Sponge Symbiotic Bacteria; Antibacterial Activity; 16S rRNA gene; <i>Spongia</i> sp.; <i>Bacillus</i> sp.	
How to Cite : Abdillah, L. N., & Wardhani, S. M. D. (2026). Identifikasi Molekuler Bakteri Simbion Spons <i>Spongia</i> sp. Penghasil Antibakteri. <i>Journal of Microbiology, Biotechnology and Conservation</i>, 2(1), 1-6. https://doi.org/10.29303/3vtdhq40	

PENDAHULUAN

Spons laut merupakan organisme invertebrata yang memiliki sebaran luas di berbagai ekosistem perairan, mulai dari wilayah beriklim sedang hingga daerah tropis dan kutub. Organisme ini dikenal sebagai salah satu sumber potensial senyawa bioaktif di lingkungan laut karena kemampuannya menghasilkan beragam metabolit sekunder dengan aktivitas biologis yang tinggi (Varijakzhan et al., 2021). Sebagai hewan benthik yang bersifat sesil dan berperan sebagai penyaring makanan (*filter feeder*), spons menyediakan mikrohabitat yang mendukung

keberadaan dan perkembangan berbagai mikroorganisme, termasuk bakteri simbiosis (Kiran et al., 2018). Bakteri yang hidup bersimbiosis dengan spons diketahui mampu menghasilkan beragam senyawa bioaktif, termasuk senyawa antibakteri yang berpotensi untuk aplikasi farmasi (Anteneh et al., 2021).

Berbagai penelitian menunjukkan bahwa bakteri simbiosis spons memiliki aktivitas biologis terhadap bakteri patogen, baik bakteri Gram-positif maupun Gram-negatif (Indraningrat et al., 2016). Seiring dengan meningkatnya kasus resistensi antibiotik yang menjadi tantangan global,

eksplorasi sumber antibiotik alami baru menjadi semakin mendesak. Dalam konteks ini, bakteri simbiosis spons laut menjadi sumber daya hayati yang menjanjikan dan strategis untuk dikembangkan sebagai alternatif antibakteri baru (Wahyuni et al., 2025). Lingkungan laut yang masih relatif belum banyak dieksplorasi menyimpan keanekaragaman mikroba dengan potensi bioteknologi yang tinggi. Namun, identifikasi bakteri laut secara konvensional berbasis karakter fenotipik sering kali menghadapi keterbatasan, sehingga pendekatan molekuler menjadi metode yang lebih andal untuk menentukan identitas dan kekerabatan bakteri secara akurat (Rodrigues et al., 2022). Salah satu metode molekuler yang paling banyak digunakan adalah analisis gen 16S rRNA.

Gen 16S rRNA merupakan gen pengkode subunit kecil RNA ribosom bakteri yang memiliki panjang sekitar 1.500 nukleotida dan terdapat pada seluruh kelompok bakteri. Gen ini memiliki kombinasi daerah konservatif dan daerah variabel yang memungkinkan analisis filogenetik serta identifikasi bakteri hingga tingkat genus dan, pada beberapa kasus, hingga tingkat spesies. Karena tingkat konservasi dan perannya yang esensial dalam fungsi ribosom, sekuensing gen 16S rRNA banyak dimanfaatkan dalam studi ekologi mikroba dan taksonomi bakteri, termasuk pada mikroorganisme laut yang sulit dikultur (Tozzo et al., 2020; Yang et al., 2024).

Identifikasi molekuler bakteri simbiosis spons penghasil antibakteri merupakan langkah penting untuk memahami keragaman mikroba laut. Keberadaan bakteri simbiosis pada spons diketahui berperan besar dalam menghasilkan senyawa bioaktif yang berpotensi sebagai antibakteri. Pendekatan molekuler memungkinkan identifikasi bakteri secara lebih akurat berdasarkan karakter genetiknya. Informasi genetik yang diperoleh dari analisis molekuler dapat digunakan untuk menentukan kekerabatan dan klasifikasi bakteri simbiosis tersebut. Data ini juga menjadi dasar dalam pengembangan sumber antibakteri baru yang ramah lingkungan. Selain itu, penelitian molekuler mendukung eksplorasi lanjutan terhadap senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh bakteri simbiosis spons. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi bakteri simbiosis spons penghasil

antibakteri menggunakan pendekatan molekuler berbasis gen 16S rRNA sebagai tahap awal pemanfaatan sumber daya hayati laut secara berkelanjutan.

BAHAN DAN METODE

Isolasi Bakteri Simbiosis Spons

Sampel spons diperoleh dari perairan Sibolga Sumatera Utara, sampel spons terlebih dahulu dicuci menggunakan air laut steril untuk menghilangkan kotoran dan mikroorganisme yang menempel pada permukaan. Selanjutnya, jaringan spons dipotong kecil dan ditimbang sebanyak 1 g, kemudian dihancurkan menggunakan mortir dan stamper dalam kondisi steril hingga diperoleh suspensi homogen (Gopi et al., 2012). Suspensi tersebut selanjutnya diencerkan secara bertingkat menggunakan larutan NaCl 0,9% dengan tingkat pengenceran 10^{-1} hingga 10^{-3} (Nursyam, 2017).

Isolasi bakteri dilakukan dengan metode tuang (*pour plate*) menggunakan media Marine Agar. Media yang telah diinokulasi kemudian diinkubasi selama 24 jam pada suhu 37°C . Koloni bakteri yang tumbuh selanjutnya dipisahkan dan dimurnikan berdasarkan perbedaan karakteristik morfologi koloni secara makroskopis dan mikroskopis. Pemurnian dilakukan dengan mengambil satu koloni tunggal (*single colony*) yang memiliki perbedaan ukuran, warna, bentuk, dan elevasi koloni. Proses ini diulang melalui subkultur bertahap hingga diperoleh isolat bakteri simbiosis spons yang murni.

Pengujian Aktivitas Antibakteri Bakteri Simbiosis Spons

Uji aktivitas antibakteri dilakukan menggunakan metode difusi cakram. Biakan bakteri uji *Escherichia coli* dan *Bacillus subtilis* masing-masing diinokulasikan secara merata ke permukaan media *Mueller-Hinton Agar* (MHA) menggunakan kapas steril. Kertas cakram steril (Oxoid) kemudian direndam dalam suspensi masing-masing isolat bakteri simbiosis spons dan diletakkan di atas permukaan media MHA yang telah diinokulasi bakteri uji.

Cawan petri selanjutnya diinkubasi selama 24 jam pada suhu 37°C . Aktivitas antibakteri

ditunjukkan oleh terbentuknya zona bening (*clear zone*) di sekitar kertas cakram. Diameter zona hambat yang terbentuk diukur dalam satuan milimeter sebagai indikator tingkat aktivitas antibakteri dari masing-masing isolat bakteri simbiosis spons (Kawengian et al., 2017).

Identifikasi Molekuler Bakteri Simbiosis Spons

Isolat bakteri simbiosis spons yang menunjukkan aktivitas antibakteri paling potensial dipilih untuk dilakukan identifikasi molekuler. Ekstraksi DNA genom bakteri dilakukan menggunakan kit GNE sesuai dengan prosedur yang direkomendasikan oleh pabrikannya. Gen 16S rRNA kemudian diamplifikasi menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan primer universal 27F dan 1492R (Bertolo et al., 2024).

Produk PCR yang diperoleh selanjutnya dikirim ke Macrogen untuk proses sekuensing. Sekuens gen 16S rRNA hasil sekuensing dianalisis menggunakan program BLAST melalui situs National Center for Biotechnology Information (NCBI) untuk menentukan tingkat kemiripan dengan sekuens bakteri yang telah terdaftar dalam basis data. Selanjutnya, dilakukan *Multiple Sequence Alignment* (MSA) menggunakan metode ClustalW pada perangkat lunak BioEdit. Sekuens yang telah disejajarkan kemudian digunakan untuk konstruksi pohon filogenetik dengan menggunakan perangkat lunak MEGA versi 11.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Sebanyak enam isolat bakteri simbiosis spons berhasil diisolasi dari spons *Spongia* sp. dan menunjukkan perbedaan karakteristik morfologi koloni. Seluruh isolat tersebut selanjutnya diuji aktivitas antibakterinya terhadap *Escherichia coli* dan *Bacillus subtilis*. Berdasarkan hasil pengujian aktivitas antibakteri bakteri simbiosis spons terhadap *E. coli* dan *B. subtilis*, diperoleh diameter zona hambat dengan kisaran 5,0–8,5 mm terhadap *E. coli* dan 6,0–9,0 mm terhadap *B. subtilis*. Hasil pengujian menunjukkan bahwa isolat Sp2 mampu menghambat pertumbuhan bakteri Gram-positif dan Gram-negatif, yang mengindikasikan bahwa isolat ini memiliki aktivitas antibakteri berspektrum luas,

meskipun daya hambatnya lebih kuat terhadap bakteri Gram-positif. Temuan ini sejalan dengan laporan sebelumnya yang menunjukkan bahwa aktivitas antibakteri bakteri simbiosis spons bahwa bakteri memiliki spektrum aktivitas antibakteri yang luas yang mampu sebagai antibakteri terhadap bakteri patogen bakteri negatif dan positif (Amraoui et al., 2016). Selain itu, bakteri simbiosis yang diisolasi dari spons *Spongia officinalis* juga dilaporkan memiliki aktivitas antibakteri terhadap *Escherichia coli* penghasil ESBL dan *Klebsiella pneumoniae* (Prastiyanto et al., 2022). Sehingga mendukung potensi bakteri simbiosis spons sebagai sumber bakteri penghasil senyawa antibakteri.

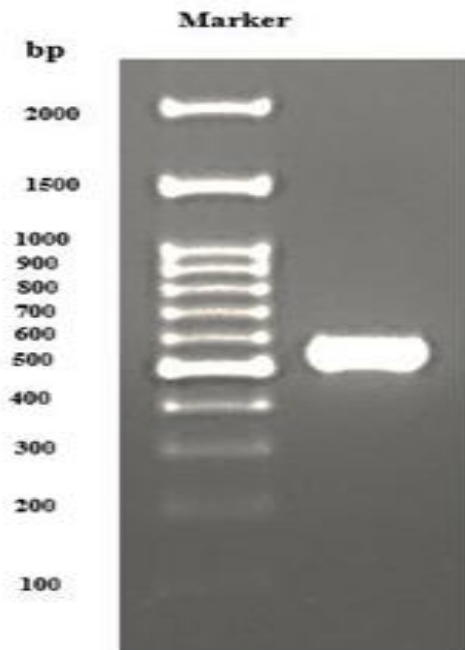
Tabel 1. Diameter Zona Hambat Bakteri Simbiosis Spons *Spongia* sp.

Kode Isolat	Diameter zona hambat (mm)	
	<i>Bacillus subtilis</i>	<i>Escherichia coli</i>
Sp1	6,0	-
Sp2	9,0	8,5
Sp3	6,6	5,0
Sp4	6,0	-
Sp5	-	8,0
Sp6	7,0	6,5
Kontrol (+)	22,0	20,0
Ciprofloxacin		
Kontrol (-)	-	-
Akuades		

Berdasarkan besarnya diameter zona hambat yang dihasilkan, isolat bakteri simbiosis spons yang paling berpotensi sebagai antibakteri dipilih untuk analisis lebih lanjut, yaitu isolat Sp2. Isolat ini selanjutnya dilakukan identifikasi molekuler menggunakan gen 16S rRNA. Hasil elektroforesis menunjukkan bahwa amplifikasi gen 16S rRNA pada isolat Sp2G menghasilkan fragmen DNA dengan ukuran sekitar 520 pasangan basa (bp). Panjang fragmen ini sesuai dengan karakteristik amplifikasi sebagian gen 16S rRNA, yang umumnya menghasilkan produk PCR dengan ukuran ≥ 500 bp dan dinilai cukup informatif untuk keperluan identifikasi bakteri (Church et al., 2020).

Hasil analisis pohon filogenetik berdasarkan sekuens gen 16S rRNA yang dikonstruksi menggunakan program MEGA versi 11 dengan metode Neighbor-Joining menunjukkan hubungan kekerabatan antar isolat yang dianalisis. Angka yang tercantum pada setiap percabangan pohon

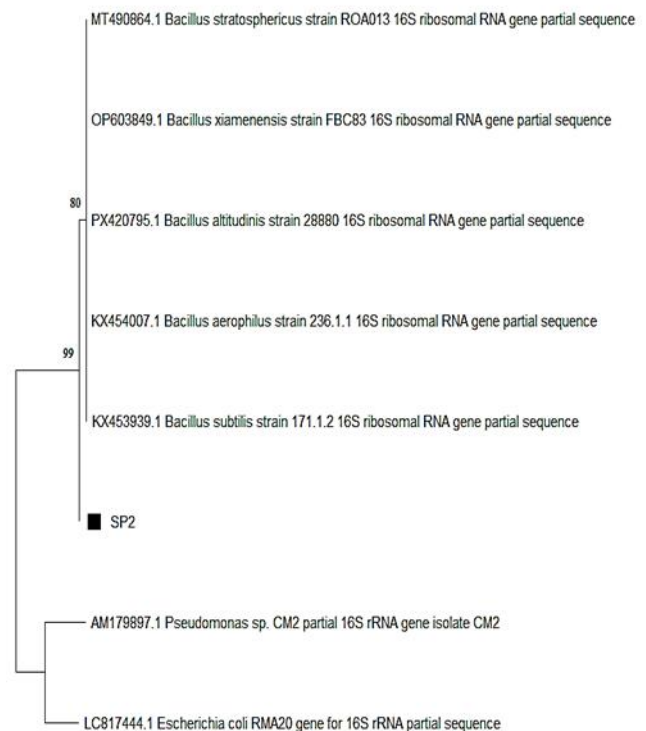
filogenetik merepresentasikan nilai bootstrap, yang menunjukkan tingkat kepercayaan terhadap pembentukan klad. Analisis ini melibatkan beberapa sekuens pembandingan yang diperoleh dari basis data GenBank.



Gambar 1. Hasil elektroforesis PCR bakteri *symbion Sp2*

Berdasarkan pohon filogenetik tersebut, isolat Sp2 menunjukkan afiliasi yang kuat dengan bakteri dari genus *Bacillus*. Isolat Sp2 berada dalam satu klad dengan *Bacillus subtilis* strain 171.1.2 serta berdekatan dengan beberapa spesies lain dalam genus yang sama, antara lain *Bacillus aerophilus*, *Bacillus altitudinis*, *Bacillus xiamenensis*, dan *Bacillus stratosphericus*. Kedekatan posisi filogenetik ini mengindikasikan bahwa isolat Sp2 memiliki tingkat kekerabatan genetik yang tinggi dengan kelompok *Bacillus subtilis* group.

Temuan ini konsisten dengan sejumlah penelitian terdahulu yang melaporkan bahwa isolat bakteri simbiosis spons memiliki tingkat kesamaan sekuens yang tinggi dengan anggota genus *Bacillus*. Astuti et al. (2022) melaporkan bahwa isolat Y.5.10, Y.5.11, dan Y.40.6 masing-masing menunjukkan kemiripan sekuens yang tinggi dengan *Bacillus* sp. GNTW-13-1, *Bacillus subtilis* BAB-7051, dan *Bacillus cereus* 45-5.



Gambar 2. Pohon filogenetik 16S rRNA menggunakan metode *Neighbor-joining* isolat Sp2

Selanjutnya, Wahyudi et al. (2019) mengungkapkan bahwa isolat D6.19 yang diperoleh dari bakteri simbiosis spons *Spongia* sp. dan memiliki aktivitas antibakteri yang tinggi menunjukkan hubungan filogenetik yang erat dengan *Bacillus altitudinis* strain FJAT 47750 berdasarkan analisis gen 16S rRNA. Selain itu, Odekina et al. (2020) melaporkan bahwa bakteri simbiosis *Spongia officinalis* yang paling potensial dalam menghasilkan senyawa antimikroba juga termasuk ke dalam genus *Bacillus*, khususnya sebagai agen antibakteri yang efektif terhadap *Escherichia coli* dan *Pseudomonas aeruginosa*.

Hubungan filogenetik antara isolat SP2 dan klad *Bacillus* didukung oleh nilai bootstrap sebesar 99%, yang menunjukkan tingkat kepercayaan yang sangat tinggi terhadap percabangan tersebut. Nilai bootstrap yang mendekati 100% menandakan bahwa hubungan kekerabatan yang ditunjukkan oleh klad tersebut didukung kuat oleh data sekuens yang digunakan (Lemoine & Gascuel, 2024). Metode bootstrap sendiri digunakan untuk menilai keandalan topologi pohon filogenetik, di mana nilai

bootstrap yang rendah mengindikasikan ketidakstabilan percabangan dan dapat mengurangi tingkat kepercayaan terhadap hasil analisis filogenetik (Fajriani & Budiharjo, 2018).

Sebaliknya, *Pseudomonas* sp. CM2 dan *Escherichia coli* RMA20 berada pada klad yang terpisah dan berperan sebagai kelompok luar (outgroup). Posisi ini menegaskan adanya jarak evolusioner yang relatif jauh antara isolat Sp2 dan kedua spesies tersebut. Variasi panjang cabang pada pohon filogenetik mencerminkan tingkat divergensi evolusioner, di mana cabang yang lebih panjang menunjukkan jarak evolusi yang lebih jauh, sedangkan cabang yang lebih pendek menunjukkan hubungan kekerabatan yang lebih dekat (Fietri *et al.*, 2021).

Keseluruhan, hasil analisis filogenetik ini menunjukkan bahwa isolat Sp2 memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan spesies-spesies dalam genus *Bacillus*, khususnya *Bacillus subtilis*. Temuan ini mendukung hasil identifikasi awal isolat Sp2 sebagai anggota genus *Bacillus* berdasarkan analisis sekuens gen 16S rRNA.

KESIMPULAN

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa isolat Sp2 merupakan isolat yang memiliki aktivitas antibakteri paling potensial terhadap kedua bakteri uji, yaitu *Escherichia coli* dan *Bacillus subtilis*. Identifikasi molekuler menggunakan penanda gen 16S rRNA mengindikasikan bahwa isolat Sp2 memiliki tingkat kemiripan yang tinggi dengan bakteri dari genus *Bacillus*, khususnya *Bacillus subtilis*. Temuan ini menunjukkan bahwa isolat Sp2 berpotensi menghasilkan senyawa bioaktif yang berperan sebagai antibakteri, sehingga diperlukan penelitian lanjutan untuk mengidentifikasi dan mengkarakterisasi senyawa aktif yang dihasilkan oleh isolat tersebut.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah memberikan dukungan dan bantuan dalam pelaksanaan penelitian ini. Terima kasih juga disampaikan kepada institusi yang telah berkontribusi dalam penyediaan data dan fasilitas penelitian. Semoga hasil penelitian ini dapat memberikan manfaat dan kontribusi positif bagi pengembangan ilmu pengetahuan.

KONTRIBUSI PENULIS

Penelitian ini dilakukan secara kerja bersama sesuai dengan tugas masing-masing baik dalam pengisolasian bakteri maupun tahapan penulisan.

KONFLIK KEPENTINGAN

Penulis menyatakan tidak ada intervensi kepentingan dalam kegiatan penelitian ini.

REFERENSI

- Anteneh, Y. S., Yang, Q., Brown, M. H., & Franco, C. M. (2021). Antimicrobial activities of marine sponge-associated bacteria. *Microorganisms*, 9(1), 171. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9010171>
- Astuti, R. I., Saju, Y. B. P., Aribah, D., & Wahyudi, A. T. (2022). Skrining dan identifikasi bakteri laut penghasil enzim selulase yang berasosiasi dengan spons. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 27(1), 70–75. <https://doi.org/10.18343/jipi.27.1.70>
- Bertolo, A., Valido, E., & Stoyanov, J. (2024). Optimized bacterial community characterization through full-length 16S rRNA gene sequencing utilizing MinION nanopore technology. *BMC Microbiology*, 24(1), 58. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03208-5>
- Church, D. L., Cerutti, L., Gürtler, A., Griener, T., Zelazny, A., & Emler, S. (2020). Performance and application of 16S rRNA gene cycle sequencing for routine identification of bacteria in the clinical microbiology laboratory. *Clinical Microbiology Reviews*, 33(4), e00053-19. <https://doi.org/10.1128/CMR.00053-19>
- El Amraoui, M., Tarbaoui, M., El Wahidi, M., Fassouane, A., & El B. (2017). Antibacterial activity of microorganisms associated with marine invertebrates from the Moroccan Atlantic coast. *International Journal of Advanced Research*, 5(1), 1127–1133. <https://doi.org/10.21474/IJAR01/2862>
- Fietri, W. A., Rasak, A., & Ahda, Y. (2021). Analisis filogenetik ikan tuna (*Thunnus* spp.) di perairan Maluku Utara menggunakan COI (Cytochrome Oxidase I). *BIOMA: Jurnal Biologi Makassar*, 6(2), 31–39.
- Gopi, M., Kumaran, S., Kumar, T. T. A., Deivasigamani, B., Alagappan, K., & Prasad, S. G. (2012). Antibacterial potential of sponge endosymbiont marine *Enterobacter* sp. at Kavaratti Island,

- Lakshadweep archipelago. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 5(2), 142–146. [https://doi.org/10.1016/S1995-7645\(12\)60013-3](https://doi.org/10.1016/S1995-7645(12)60013-3)
- Indraningrat, A. A. G., Smidt, H., & Sipkema, D. (2016). Bioprospecting sponge-associated microbes for antimicrobial compounds. *Marine Drugs*, 14(5), 87. <https://doi.org/10.3390/md14050087>
- Kawengian, S. A., Wuisan, J., & Leman, M. A. (2017). Uji daya hambat ekstrak daun serai (*Cymbopogon citratus* L.) terhadap pertumbuhan *Streptococcus mutans*. *e-GiGi*, 5(1). <https://doi.org/10.35790/eg.5.1.2017.14736>
- Kiran, G. S., Sekar, S., Ramasamy, P., Thinesh, T., Hassan, S., Lipton, A. N., & Selvin, J. (2018). Marine sponge microbial association: Towards disclosing unique symbiotic interactions. *Marine Environmental Research*, 140, 169–179. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2018.04.017>
- Lemoine, F., & Gascuel, O. (2024). The Bayesian phylogenetic bootstrap and its application to short trees and branches. *Molecular Biology and Evolution*, 41(11), msae238. <https://doi.org/10.1093/molbev/msae238>
- Nursyam, H. (2017). Antibacterial activity of metabolite products of *Vibrio alginolyticus* isolated from sponge *Haliclona* sp. against *Staphylococcus aureus*. *Italian Journal of Food Safety*, 6(1), 6237. <https://doi.org/10.4081/ijfs.2017.6237>
- Odekina, P. A., Agbo, M. O., & Omeje, E. O. (2020). Antimicrobial and antioxidant activities of novel marine bacteria (*Bacillus* 2011SOCCUF3) isolated from marine sponge (*Spongia officinalis*). *Pharmaceutical Sciences*, 26(1), 82–87. <https://doi.org/10.34172/PS.2019.59>
- Prastiyanto, M. E., Kartika, A. I., Sri, D., & Radja, O. K. (2022). Bioprospecting of bacterial symbionts of sponge *Spongia officinalis* from Savu Sea, Indonesia for antibacterial potential against multidrug-resistant bacteria. *Biodiversitas*. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230256>
- Rodrigues, C. J., & de Carvalho, C. C. (2022). Cultivating marine bacteria under laboratory conditions: Overcoming the “unculturable” dogma. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 10, 964589. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2022.964589>
- Tozzo, P., D’Angiolella, G., Brun, P., Castagliuolo, I., Gino, S., & Caenazzo, L. (2020). Skin microbiome analysis for forensic human identification: What do we know so far? *Microorganisms*, 8(6), 873. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8060873>
- Varijakzhan, D., Loh, J. Y., Yap, W. S., Yusoff, K., Seboussi, R., Lim, S. H. E., & Chong, C. M. (2021). Bioactive compounds from marine sponges: Fundamentals and applications. *Marine Drugs*, 19(5), 246. <https://doi.org/10.3390/md19050246>
- Wahyudi, A. T., Priyanto, J. A., Wulandari, D. R., & Astuti, R. I. (2019). In vitro antibacterial activities of marine sponge-associated bacteria against pathogenic *Vibrio* spp. causes vibriosis in shrimps. *International Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences*, 11(11), 33–37. <https://doi.org/10.22159/ijpps.2019v11i11.34814>
- Wahyuni, S., Mursawal, A., & Kurniawan, R. (2025). Bioactive potential of marine biota (algae, sponges, and marine bacteria) as a source of antimicrobial compounds. *South East Asian Marine Sciences Journal*, 3(1), 19–26. <https://doi.org/10.61761/seamas.3.1.19-26>
- Yang, M. Q., Wang, Z. J., Zhai, C. B., & Chen, L. Q. (2024). Research progress on the application of 16S rRNA gene sequencing and machine learning in forensic microbiome individual identification. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1360457. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1360457>