

Pelacakan Sumber Bakteri E. coli di Air Rekreasi dengan Metode Microbial Source Tracking menggunakan Polymerase Chain Reaction = Microbial Source Tracking of E. coli in Recreational Waters Using Polymerase Chain Reaction

Ayu Putri Pratiwi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920570002&lokasi=lokal>

Abstrak

Kontaminasi bakteri *Escherichia coli* (*E. coli*) di perairan pantai menimbulkan risiko kesehatan bagi masyarakat yang melakukan aktivitas rekreasi. Untuk mengidentifikasi sumber kontaminasi secara lebih akurat, diperlukan analisis terhadap keberadaan gen penanda yang spesifik terhadap sumber fekal tertentu. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keberadaan gen penanda *E. coli* di air rekreasi Pantai Ancol menggunakan pendekatan Microbial Source Tracking (MST) dengan metode Polymerase Chain Reaction (PCR), serta menelusuri jalur transmisi kontaminasi dari berbagai sumber ke air rekreasi dan potensi paparannya terhadap manusia. Pengambilan sampel dilakukan secara temporal pada beberapa titik di kawasan pantai untuk mengevaluasi variasi distribusi sumber pencemar antara hari kerja dan akhir pekan. Deteksi gen penanda fekal spesifik untuk manusia (H8 dan H12), ayam (Ch7, Ch9, Ch12, dan Ch13), sapi (Co2 dan Co3), dan air limbah (W_nqrC dan W_clsA) dilakukan terhadap total 30 isolat. Hasil menunjukkan bahwa seluruh gen penanda terdeteksi pada 100% isolat, baik pada hari kerja maupun akhir pekan, serta di seluruh titik pengambilan sampel. Hal ini mengindikasikan bahwa kontaminasi fekal dari berbagai sumber, yaitu aktivitas domestik, manusia, peternakan, dan pengolahan pangan berbasis unggas dan sapi terdistribusi secara merata dan konsisten di wilayah pantai. Kondisi ini menunjukkan bahwa kontaminasi bersifat kontinu dan tidak bergantung pada waktu, didorong oleh aliran limbah domestik yang terus-menerus, limpasan dari Sungai Ciliwung, serta aktivitas lokal di kawasan wisata. Penyebaran kontaminan diperluas oleh dinamika arus laut yang membawa limbah dari muara ke area rekreasi. Kesimpulan dari penelitian ini adalah bahwa pendekatan MST dengan metode PCR terbukti dapat mengidentifikasi sumber kontaminasi fekal di perairan pantai, serta pentingnya pemahaman terhadap jalur transmisi pencemaran sebagai dasar perencanaan pengelolaan limbah untuk menjaga kesehatan masyarakat dan kualitas lingkungan pesisir.

.....Fecal contamination by *Escherichia coli* (*E. coli*) in coastal waters poses a health risk to the public engaging in recreational activities. Accurate detection of specific genetic markers is essential to effectively identify the sources of contamination. This study aims to analyze the presence of *E. coli* marker genes in the recreational waters of Ancol Beach using a Microbial Source Tracking with the Polymerase Chain Reaction method and to analyze the transmission pathways of contamination from various sources to recreational waters and human exposure. Samples were collected temporally at multiple points along the coastline to assess differences in pollutant distribution between weekdays and weekends. Fecal marker genes specific to humans (H8 and H12), chickens (Ch7, Ch9, Ch12, and Ch13), cattle (Co2 and Co3), and wastewater (W_nqrC and W_clsA) were tested in a total of 30 isolates. The results showed that all marker genes were detected in 100% of the isolates, regardless of sampling time or location. This indicates that fecal contamination from various sources including domestic waste, human activity, livestock, and food processing was evenly and consistently distributed across the beach area. These findings suggest that

contamination is continuous and not influenced by time, largely driven by uninterrupted domestic wastewater discharge, runoff from the Ciliwung River, and local activities within the tourism area. The spread of contaminants is further facilitated by coastal currents that transport pollutants from the river mouth to recreational zones. This study concludes that the MST approach using PCR is effective in identifying fecal contamination sources in coastal waters and underscores the importance of understanding transmission pathways as a basis for improving wastewater management and protecting both public health and coastal environmental quality.