

**Identifikasi Fenotipik dan Genotipik Bakteri Asam Laktat asal  
Fermentasi Spontan Pisang var. Agung Semeru  
(*Musa paradisiaca* formatypica)**

***Phenotypic and genotypic identification of lactic acid bacteria isolated from  
spontaneous fermentation of unripe var. agung semeru banana  
(Musa paradisiaca formatypica)***

Nurhayati<sup>1)</sup>, Betty Sri Laksmi Jenie<sup>2)</sup>, Harsi D. Kusumaningrum<sup>2)</sup>, Sri Widowati<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>*Jurusan Teknologi Hasil Pertanian Fakultas Teknologi Pertanian Universitas Jember*

<sup>2)</sup>*Departemen Ilmu dan Teknologi Pangan Fakultas Teknologi Pertanian, Institut Pertanian Bogor*

<sup>3)</sup>*Peneliti Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Pascapanen Departemen Pertanian*

**ABSTRACT**

Lactic acid bacteria (LAB) can be found on food products such as milk and meat products, cerealia, cassava, fruits or vegetable products. The objectives of this research were to identify phenotypic and genotypic of lactic acid bacteria isolated from spontaneous fermentation of unripe var agung semeru banana (*Musa paradisiaca* formatypica). Phenotypic identification was based on general morphology, physiological test, API and Biolog system. Genotypic identification used polymerase chain reaction (PCR) method and analyses of 16S rRNA sequence. The result showed that two groups of LAB (FSnh 1 and FSnh A isolate) can use glicerol, D-ribose, D-xylose, D-glucose, D-fructose, D-mannose, methyl  $\alpha$ -D-glucopyranoside, N-acetyl glucosamine, esculin ferric citrate, salicin, D-cellobiose, D-saccharose, gentibiose and potassium gluconate as carbon source. Beside that FSnh 1 isolate used D-galactose, L-sorbose, L-rhamnose, and amygdalin, while FSnh A isolate used methyl  $\alpha$ -D-glucopyranoside, arbutin, D-maltose, D-lactose, D-trehalose, D-turanose, and potassium 5-ketogluconate as carbon source. The genotypic identification showed that *Lactobacillus* sp associated with the spontaneous fermentation of var agung semeru banana were identified as *Lactobacillus salivarius* and *Lactobacillus fructivorans*.

Keyword: *Musa paradisiaca* formatypica, phenotypic-genotypic identification, *Lactobacillus salivarius*, *Lactobacillus fructivorans*

**PENDAHULUAN**

Bakteri asam laktat (BAL) merupakan kelompok bakteri gram positif, katalase negatif yang dapat memproduksi asam laktat dengan cara memfermentasi karbohidrat. BAL yang menghasilkan dua molekul asam laktat dari fermentasi glukosa disebut bakteri asam laktat homofermentatif, sedangkan BAL yang menghasilkan satu molekul asam laktat dan satu molekul etanol serta satu molekul karbon dioksida disebut bakteri asam laktat heterofermentatif (Reddy et al. 2008).

Bakteri asam laktat dapat ditemukan baik pada produk hewani seperti daging (Arief et al. 2011), sosis (Ammor et al. 2005), susu (Sujaya et al. 2008) maupun nabati seperti gandum, beras, singkong (Reddy et al. 2008), limbah kedelai (Malik et al. 2008), asinan buah dan sayur (Kusumawaty et al. 2003), minuman serta buah (Plessis et al. 2004). BAL tertentu seperti *Lactobacillus plantarum*, *L. fermentum*,

*L. manihotivorans*, *L. amylophilus*, *L. amylovorus*, *L. amilolyticus*, *Leuconostoc cellobiosus*, *L. Acidophilus*, *Leuconostoc* sp, *Streptococcus bovis* dan *S. macedonicus* telah dilaporkan memiliki sifat amilolitik yaitu mampu menghasilkan enzim amilase untuk mendegradasi pati (Reddy et al. 2008).

Identifikasi bakteri asam laktat dapat dilakukan berdasarkan sifat fenotipik dan genotipik. Identifikasi fenotipik didasarkan pada hasil pengamatan morfologi koloni, pengamatan mikroskopis (pewarnaan Gram), uji fisiologis, metabolik (biokimia) atau kemotaksonomi. Identifikasi genotipik dilakukan dengan menggunakan metode molekuler antara lain melalui sekuensing gen pengkode 16S rRNA bakteri dengan metode *Polymerase Chain Reactions* (PCR)-sekuensing (Ammor et al. 2005).

Penggunaan kultur starter *indigenous* (lokal) dari produk aslinya akan memudahkan dalam mengendalikan proses fermentasi serta

memberikan hasil fermentasi yang lebih baik dan sesuai dengan karakteristik produk yang diinginkan. Fermentasi urutan (sosis khas Bali) menggunakan starter dari *Lactobacillus plantarum* dan *Pediococcus acidilactici* yang diisolasi dari urutan tradisional (fermentasi spontan) mampu menghasilkan karakteristik sosis yang baik daripada urutan dari fermentasi spontan (Antara *et al.* 2002; Antara 2010).

Oleh karena itu isolasi dan identifikasi bakteri asam laktat strain lokal (*indigenous strains*) sangat penting dilakukan untuk mengembangkan produk pangan lokal. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi fenotipik dan genotipik bakteri asam laktat amilolitik yang diisolasi dari fermentasi spontan pisang var agung semeru (*Musa paradisiaca* formatypica). Pisang var agung semeru merupakan jenis pisang *plantain* yang banyak dibudidayakan di Kabupaten Lumajang Propinsi Jawa Timur dengan tingkat produksi dapat mencapai lebih dari 57 ribu ton per tahun (RPJMD Lumajang, 2009).

## METODE

### Isolasi bakteri asam laktat

Pisang var agung semeru (*Musa paradisiaca* formatypica) diperoleh dari Desa Burno dan Desa Kandang Tepus Kecamatan Senduro Kabupaten Lumajang Propinsi Jawa Timur. Pisang yang digunakan berumur 126 hari dari awal pembungaan yang memiliki tingkat kematangan tahap 1 yaitu pisang tua dengan kulit hijau merata.

Pisang dikupas dan diiris membentuk lembaran dengan ketebalan sekitar 5mm. Sebanyak 750g irisan pisang dimasukkan ke dalam erlenmeyer berisi 1000ml akuades steril dan diinkubasi pada suhu kamar selama 24 jam. Selanjutnya 10 ml air rendaman diambil dan dilakukan pengenceran hingga  $10^{-3}$  kemudian dilakukan pemupukan pada media *de Mann Rogosa Sharp* (MRS) agar dan diinkubasi pada suhu 30°C selama dua hari. Koloni tunggal dimurnikan dengan goresan kuadran selanjutnya diseleksi berdasarkan bentuk koloni, sifat Gram positif, katalase negatif, dan bentuk morfologi kokus atau batang. Isolat diinokulasikan dalam media MRS cair dan diinkubasi pada suhu 37°C selama 24 jam. Isolat disimpan dalam sedian gliserol (30% v/v) pada suhu -20°C.

### Identifikasi fenotipik menggunakan API 50CH (API-Biomerieux)

Isolat diinokulasikan pada media MRS agar metode gores dan diinkubasi pada suhu 30°C selama 24 jam. Dipersiapkan kultur dengan mengambil isolat dan dimasukkan ke dalam 10 ml medium suspensi API (*Analytical Profile Index*). Lubang pada tatakan

plastik diberi akuades steril ( $\pm$  1ml), selanjutnya 1ml kultur diteteskan pada 50 microtube API 50CHL yang berisi karbohidrat uji, dan pada bagian atas ditutup dengan 1ml parafin cair steril. Kit API 50CHL diinkubasi pada suhu 37°C selama 48 jam. Terjadinya perubahan warna dari biru menjadi hijau hingga kuning atau hitam dinyatakan sebagai uji positif.

### Identifikasi genotipik menggunakan PCR dan analisis urutan DNA pengkode 16S rRNA

Identifikasi genotipik dilakukan dengan mengekstrak DNA pengkode 16S rRNA yang selanjutnya diampifikasi dan dilakukan sekuensing. Ekstraksi DNA genomik mengikuti metode modifikasi Murray dan Thompson yaitu menggunakan *Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB). Sebanyak 1.5 ml kultur dalam tabung eppendorf disentrifus (5000 rpm, 7 menit) dan supernatan dibuang sedangkan pelet ditambah 1ml akuabides steril selanjutnya disentrifus lagi. Pelet ditambah 600µl buffer CTAB (1.5% CTAB, 75 mM Tris HCL, pH 8.0, 15 mM EDTA, 1.05M NaCl) yang mengandung polivinilpirolidon 2% dan dicampur hingga merata kemudian diinkubasi pada suhu 65°C selama 30 menit. Inkubasi dilanjutkan dalam balok es selama 5 menit yang kemudian ditambah 600µl PCI (fenol-klorofom-isoamil) dan dibolak balik serta disentrifus (10.000 rpm, suhu ruang, 10 menit). Supernatan ditambah 600µl PCI (fenol-klorofom-isoamil) dan dibolak balik selanjutnya disentrifus lagi (10.000 rpm, suhu ruang, 10 menit). Supernatan diambil dan ditambah 2M Naasetat pH 5.2 (0.1 x volume) dan etanol murni (2 x volume) kemudian disimpan dalam freezer selama 2 jam. Selanjutnya larutan tersebut disentrifus (10.000 rpm, 4°C, 20 menit). Pelet dibilas dengan etanol 70% (500 µl) dan disentrifus (10.000 rpm, 4°C, 5 menit). Supernatan dibuang dan pelet dikeringkan dengan pengering vakum 37 – 40°C selama 15 menit. Ekstrak DNA ditambah 15 µl akuabides dan 6µl RNAase (100µg/mL) serta dipanaskan pada suhu 70°C selama 10 menit. Visualisasi DNA dilakukan pada gel agarosa (1,5%) dalam larutan TAE (Tris Asetat EDTA) 1 X. Pita-pita DNA diamati di bawah UV transilluminator GelDoc (Labquip) dan difoto dengan kamera UV Canon 1200 (Suharsono dan Widyastuti, 2008).

### Amplifikasi DNA pengkode 16S rRNA dengan PCR (Polymerase Chain Reaction)

Reaksi amplifikasi sampel DNA dilakukan dalam 0.2 ml tabung PCR. Pada setiap tabung reaksi PCR ditambahkan RBC Taq (5 unit/ml) sebanyak 0.25 µl, 10 x buffer *Taq* (mengandung  $Mg^{2+}$ ) sebanyak 5 µl, dNTP 2.5mM sebanyak 4 µl, primer universal 63F (5'-CAGGCCTAACACATGCAAGTC-3') dan primer universal 1387R (5'-GGGCGGWTGTACAAGGC-3') sebanyak masing-masing 1.25 µl (20 pmol) dan 1.25 µl (20 pmol), ekstrak genom sebanyak 2.5 µl (100 ng) dan ditambah ddH<sub>2</sub>O sampai volume menjadi 50 µl.

Amplifikasi PCR dilakukan dengan menggunakan alat PCR PTC 100 (MJ Research, Inc) pada suhu denaturasi awal 95°C selama 5 menit, dilanjutkan dengan 30 siklus penempelan primer pada suhu 94°C selama 30 detik dan perpanjangan pada suhu 50°C selama 1 menit, 72°C selama 2 menit, dan tahap akhir 72°C selama 5 menit. Produk PCR diambil dan disimpan pada suhu 4°C untuk selanjutnya diperiksa dengan menggunakan elektroforesis agarosa 1% dalam TAE 1x, 100 V selama 30 menit (Sambrook & Russel 2001, Suharsono & Widyastuti 2008).

#### Analisis urutan DNA pengkode 16S rRNA

Sekuensing DNA pengkode 16S rRNA dilakukan oleh *I<sup>st</sup> Base* melalui PT. Genetika Indonesia. Analisis hasil sekuensing dilakukan dengan memBLAST urutan nukleotida dari hasil sekuensing 16S rRNA dengan *data base* yang tersedia pada situs *www.ncbi.nlm.nih.gov*. Pensejajaran ganda (*multiple alignment*) dilakukan dengan menggunakan Program Clustal W. Selanjutnya visualisasi kekerabatan menggunakan pohon filogenetik kombinasi Program TREEVIEW X dengan *Neighbor-Joining* plot (Thompson et al. 1995).

### HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakterisasi Fenotipik Bakteri Asam Laktat Sebanyak 12 isolat bakteri asam laktat diisolasi dari fermentasi spontan pisang var agung semeru. Selanjutnya isolat tersebut dikarakterisasi morfologi sel dan koloninya. Karakteristik morfologi kedua belas isolat seperti yang disajikan pada Tabel 1.

Beberapa isolat memiliki kesamaan morfologi sehingga dikelompokkan menjadi dua kelompok yang selanjutnya akan diidentifikasi dengan menggunakan kit API 50CHL untuk mengetahui pola fermentasinya. Kelompok I terdiri atas 10 isolat (FSnh 1 – 10) yang diwakili oleh isolat FSnh 1 dengan karakteristik sel bentuk batang pendek, koloni bulat sedang, berwarna putih susu dengan elevasi cembung, tidak membentuk gas dan dapat tumbuh pada suhu 15°C dan 45°C serta tumbuh optimal pada suhu 35°C. Kelompok II terdiri atas 2 isolat (FSnh A dan B) yang diwakili oleh isolat FSnh A dengan karakteristik sel bentuk batang pendek, koloni bulat kecil berwarna putih bening dengan elevasi seperti tetesan, membentuk gas dan tumbuh optimal pada suhu 35°C dan 45°C tetapi tidak tumbuh optimal pada suhu 15°C. Kedua isolat BAL tersebut mampu memfermentasi gula tertentu sebagai sumber

karbon. Pola fermentasi yang dihasilkan oleh isolat kelompok I (FSnh 1) dan isolat kelompok II (FSnh A) dapat dilihat pada Tabel 2. Uji fermentasi pada kit API 50CHL menunjukkan bahwa kedua isolat mampu memfermentasi D-ribosa, D-xilosa, D-glukosa, D-fruktosa, D-manosa, N-asetil glukosamin, eskulin feri sitrat, salisin, D-seliobiosa, D-maltosa, D-sukrosa, gentiobiosa. Selain itu isolat BAL FSnh1 juga mampu memfermentasi D-galaktosa, amygdalin dan kalium glukonat, sedangkan isolat BAL FSnhA juga mampu memfermentasi metil  $\alpha$ D-glukopiranos, arbutin, D-laktosa, D-trehalosa, D-turanosa, dan kalium 5-ketoglukonat sebagai sumber karbon. Adanya perbedaan kemampuan memfermentasi sumber karbon tertentu pada kedua isolat BAL yaitu D-galaktosa, amygdalin, kalium glukonat, metil  $\alpha$ D-glukopiranos, arbutin, D-laktosa, D-trehalosa, D-turanosa, dan kalium 5-ketoglukonat menunjukkan fenotipik biokimiawi kedua isolat tersebut juga berbeda. Sifat biokimiawi yang berbeda mengindikasikan genotipik yang berbeda. Hasil identifikasi API 50CHL menunjukkan isolat FSnh 1 memiliki kedekatan 98,3% dengan *Weissella confusa* sedangkan FSnh A memiliki kedekatan 74,0% dengan *Leuconostoc mesenteroides*. Tamang et al. (2008) melaporkan bahwa identifikasi dengan menggunakan API 50CHL dan karakteristik biologi kurang dapat memperjelas hasil identifikasi di tingkat strain. Oleh karena itu perlu dilakukan identifikasi genotipik berdasarkan sekuen DNA pengkode 16S rRNA.

#### Karakterisasi genotipik bakteri asam laktat

Karakterisasi genotipik isolat bakteri asam laktat dilakukan berdasarkan DNA pengkode gen 16S rRNA untuk menentukan genus dan strainnya. DNA pengkode 16S rRNA dapat digunakan sebagai penanda molekuler untuk definisi spesies karena molekul ini ada pada setiap organisme dengan fungsi yang identik pada seluruh organisme. Oleh karena itu dapat dirancang suatu primer yang universal untuk seluruh kelompok (Pangastuti 2006). Data urutan basa gen penyandi 16S rRNA memungkinkan digunakan untuk mengkonstruksi pohon filogenetik yang dapat menunjukkan nenek moyang dan hubungan kekerabatan suatu organisme (Ward 1998).

Tabel 1. Karakteristik bakteri asam laktat yang diisolasi dari fermentasi spontan pisang var agung semeru.

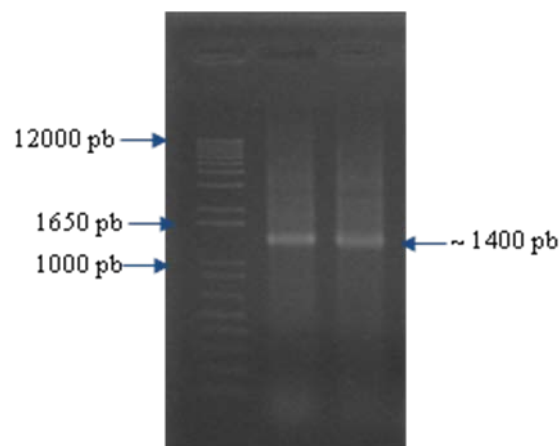
No	Isolat BAL	Karakteristik			Bentuk Sel	Tipikal koloni	Suhu Pertumbuhan		
		Gram	Gas	Katalase			15°C	35°C	45°C
1	FS nh 1	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung.	++	+++	++
2	FS nh A	+	+	+	Batang pendek	Bulat kecil berwarna putih bening dengan elevasi seperti tetesan	-	+++	++ +
3	FS nh 2	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
4	FS nh 3	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
5	FS nh 4	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
6	FS nh 5	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
7	FS nh 6	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
8	FS nh 7	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
9	FS nh 8	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
10	FS nh B	+	+	+	Batang pendek	Bulat kecil berwarna putih bening dengan elevasi seperti tetesan	-	+++	++ +
11	FS nh 9	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++
12	FS nh 10	+	-	+	Batang pendek	Bulat sedang berwarna putih susu dengan elevasi cembung	++	+++	++

DNA dari isolat BAL FSnh 1 dan FSnh A diamplifikasi dengan menggunakan primer 63F dan 1387R. Berdasarkan marker pita DNA yang digunakan mendekati 1500 pasang basa. Hal ini relevan dengan produk PCR yang dihasilkan yaitu sekitar 1400 pasang basa (Gambar 1). Analisis hasil sekuensing diawali dengan melakukan pensejajaran (alignment) urutan basa DNA pengkode 16S rRNA pada kedua isolat BAL dari sekuen forward (F) dan sekuen reverse (R) dengan menggunakan program bioedit CAP contig assembly program. Sekeun parsial DNA pengkode 16S rRNA disejajarkan dengan sekuen lengkap

Genbank DNA pengkode 16S rRNA dari beberapa genus bakteri asam laktat dengan menggunakan program perangkat lunak Clustal W (Thompson *et al.* 1995). Hasil pensejajaran sekuen DNA pengkode 16S rRNA menunjukkan isolat BAL FSnh 1 dan FSnhA merupakan family Lactobacillaceae (Gambar 2). Hasil Program Clustal W menunjukkan skor kedekatan kedua isolat tersebut adalah 75 terhadap genus Lactobacillus. Skor kedekatan kedua isolat tersebut terhadap genus Weissella adalah yang paling rendah yaitu sebesar 41 untuk isolat BAL FSnh 1 dan 39 untuk isolat BAL FSnh A.

Tabel 2. Pola fermentasi isolat bakteri asam laktat FSnh 1 dan isolat bakteri asam laktat FSnh A pada Kit API 50CHL.

Sumber Karbon	Kemampuan Memfermentasi	
	Isolat BAL FSnh1	Isolat BAL FSnh A
D-ribosa	+	+
D-xilosa	+	+
D-galaktosa	+	-
D-glukosa	+	+
D-fruktosa	+	+
D-mannosa	+	+
Metil $\alpha$ D-glukopiranosida	-	+
N-asetil glukosamin	+	+
<i>Amygdalin</i>	+	-
Arbutin	-	+
Eskulin feri sitrar	+	+
Salisin	+	+
D-seliobiosa	+	+
D-maltosa	+	+
D-laktosa	-	+
D-sukrosa	+	+
D-trehalosa	-	+
Gentiobiosa	+	+
D-turanosa	-	+
Kalium glukonat	+	-
Kalium 5-ketoglukonat	-	+



Gambar 1. Hasil elektroforesis agarosa 1% dan amplifikasi gen 16S rRNA dengan PCR M = marka DNA 1kb DNALadder. a = BAL FSnh1; b = BAL FSnhA.

Komposisi nukleotida penyusun DNA pengkode 16S rRNA setiap isolat BAL berbeda sehingga dilakukan analisis kekerabatan menggunakan program BLAST-N (Basic Local Alignment Search Tool-Nucleotida) yang dapat diakses secara online dari website NCBI. Berdasarkan analisis program BLAST-N maka diketahui homologi spesies dari isolat yang diuji seperti yang disajikan Tabel 3. Isolat BAL

FSnh 1 memiliki kemiripan dengan *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* NDO2 (81%), *L. amylovorus* GRL 1112 (80%) dan *L. iners* (80%) yang masing-masing memiliki query coverage di atas 80%. Isolat BAL FSnh A memiliki kemiripan 81% dengan *Lactobacillus iners* dan *L. delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, serta 80% dengan *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *cremoris* ATCC 19254.

FSnh1.	-----CCGGGG--GTAAGGAAAGAGCTTGCTTCTTTG	31
FSnhA.	-----GGGG--GCCGGGAAAGAGCTTGCTTCTCC-	28
Granulicatella	-----GACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	31
Carnobacterium	-----GAGTTTG--ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	50
Abiotrophia	-----AGAGTTTG--ATCATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	51
Eremococcus	-----TGGCGGCGTGCNTAATACATGC	22
Aerococcus	TTTCATGAGAGTTTG--ATCCTGGCTCAGGACNAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	58
Enterococcus	-----GGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	38
Pediococcus	--TTATAGAAGTTGGATCCCTTGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	57
Streptococcus	----TTTTGATTTG--ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	54
Lactococcus	-----TAGAGTTTG--ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	52
Lactobacillus	-----AGAGTTTG--ATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGC	51
Leuconostoc	-----	
Fructobacillus	-----GGCGGCGTGCCTAATACATGC	21
Oenococcus	-----TACATG--CAAGTCGTACGCTAGCCGCTGAATTGATCCTT--	38
Weissella	-----TTGTACACAC	10
FSnh1.	CTGACGAG-----	39
FSnhA.	CTGACGAG-----	36
Granulicatella	AAGTCGAACGAGAG-----CGACCGGTGCTTGCACTGGTC-----	66
Carnobacterium	AAGTCGAACGCTTTGAC-----TTCACCGGTGCTTGCAACCACGA-----	92
Abiotrophia	AAGTCGAACGAACCGC-----GACTAGGTGCTTGCACTTGGTCA-----	90
Eremococcus	AAGTCGAACGCACT-----GACGGAGAACTTGTTCTC--TTA-----	57
Aerococcus	AAGTCGAGCGAACA-----GATGAAGTGTGCACTT--CTG-----	93
Enterococcus	AAGTCGTACGCTTCTTT-----TTCACCGGAGCTTGCTCCACCGGA-----	80
Pediococcus	AAGTCGAACGAACCTCCGTTAATTGATTATGACGTGCTTGCACTGAATGAGATTTTAAACA	117
Streptococcus	AAGTAGAACGCTGA-----AGCTTGGTGTGCAACCAGCGG-----	91
Lactococcus	AAGTTGAGCGCTGA-----AGGTTGGTACTTGTACCAACTGG-----	89
Lactobacillus	AAGTCGAGCGAGCTG-----AATTCAAAGATCCCTTCGGGGTGATTTGTTG--	97
Leuconostoc	-----	
Fructobacillus	AAGTCGTACGAACAG-----CGGAAAGTGTGCACTTTCCAA-----	59
Oenococcus	-----CGGGTG-----AAGTGAG--GCAATGACTAG-----	62
Weissella	CGCCCCGTA-----	19
FSnh1.	-----TGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGG-AAACTGCCTGATGGAGGGGGA	86
FSnhA.	-----TGGCGGACGGGTGAGTAATGTCTGGG-AAACTGCCTAATGGAGGGGGA	83
Granulicatella	---AATCTAG---TGGCGAACGGGTGAGTAACACGTTGGGTAACCTGCCATCAGAGGGGGA	121
Carnobacterium	--AGTCAAGGAGTGGCGGACGGGTGAGTAACACGTTGGGTAACCTGCCATAAGAGGGGGA	150
Abiotrophia	--AGGTGAG---TGGCGAACGGGTGAGTAACACGTTGGGTAACCTACCTCATAGTGGGGGA	145
Eremococcus	--ACGTGAG---TGGCGGACGGGTGAGTAACACGTTGGGAAACCTACCCTTGAGCGGGGGA	112
Aerococcus	---ACGTTAG---CGGCGAACGGGTGAGTAACACGTAAGGAATCTACCTATAAGCGGGGGA	148
Enterococcus	--AAAAGAAGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTTGGGTAACCTGCCATCAGAAGGGGA	138
Pediococcus	CGAAGTGAG---TGGCGGACGGGTGAGTAACACGTTGGGTAACCTGCCAGAAGCAGGGGA	174
Streptococcus	----ATGAG---TTGCGAACGGGTGAGTAACGCGTAGGTAACCTGCCTGGTAGCGGGGGA	144
Lactococcus	----ATGAG---CAGCGAACGGGTGAGTAACGCGTTGGGAAATCTGCCCTTGAGCGGGGGA	142
Lactobacillus	-GACGCTAG---CGGCGGATGGGTGAGTAACACGTTGGGCAATCTGCCCTAAAGAGTG--A	152
Leuconostoc	-----AGTAACACGTTGGATAACCTGCCTCAAGGCTGGGGA	35
Fructobacillus	----GTAAG---TGGCGAACGGGTGAGTAACACGTTGAATAACCTACCCAAAGTCTGGGA	112
Oenococcus	-----AG---TGGCGAAGTGGTGGTAAACGTAAGAAACCTGCCCTTTAGTGGGGGA	112
Weissella	-----CACCATGAGAGTTTGTAAACAC-----CCAAAGCCG---GTGGGGTA	57
	:**** . . . :.** * ** *	
FSnh1.	TAACTACTGGAACGGTAGCT--AATACCGCATAACGTCG--CAAGACCAAAGAGGGGGACC	144
FSnhA.	TAACTACTGGAACGGTAGCTTAAATACCGCATAACGTCGCCAAGACCAAAGAGGGGGACC	143
Granulicatella	TAACTTCGGAACGGATGCT--AAAACCGCATAGGCTTTCGAACCGCATGGTTTGAAGAG	180
Carnobacterium	TAACTCCGGAACGGATGCT--AATACCGCATAATTTCCAATTGTCTCCTGACAGATGGAA	209
Abiotrophia	TAACTTCGGAACGACTGCT--AATACCGCATAGGACATGGNATCACATGATTCAGTGAG	204
Eremococcus	TAACTTCGGAACGATGCT--AATACCGCATAACAGCAATCATCGCTGATGGTTGATT	171
Aerococcus	TAACTTCGGAACGGGTGCT--AATACCGCATAATATCTTCTTCCGCATGGAAGAAGATT	207
Enterococcus	TAACTTCGGAACAGGTGCT--AATACCGTATAACAATCGAAACCGCATGGTTTGTATT	197
Pediococcus	TAACTTCGGAACAGATGCT--AATACCGTATAACAGAGAAAACCGCTGGTTTCTTTT	233
Streptococcus	TAACTATTCGGAACGATGCT--AATACCGCATAAGAGTAGATGTTGCATGACATTTACTT	203
Lactococcus	CAACATTCGGAACGATGCT--AATACCGCATAAAAACCTTTAAACACAAAGTTTAAAGTT	201
Lactobacillus	TAACTATTCGGAACAGGTGCT--AATACCGGATAACAACATGAATCGCATGATTCAGTTT	211
Leuconostoc	TAACTATTCGGAACAGATGCT--AATACCGAATAAAAACCTTAGTATCGCATGATATCAAGTT	94
Fructobacillus	TAACTATTCGGAACAGTGCT--AATACCGGATAAAAACCAAGTGCACATGCACATGAGTT	171
Oenococcus	TAACTATTCGGAACAGATGCT--AATACCGCGTAACAACAATCACACATGATGCTGTT	171
Weissella	ACCTTTTAGGAGCCAGCGCTAAGGTGGGACAGATGATTAGGGTGAAG----TCGTAA	112

---dilanjutkan pada halaman berikutnya

	..	***..*..	. ** . * . *	..	
FSnh1.	TTCGG--GCCTCTT---GCCAT-CGGAT-GTGCCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG				196
FSnhA.	TTCGG--GCCTCTT---GCCATTCGGATTGTGCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG				197
Granulicatella	GAAAAGAGGGCGCAAGCTTCTGCTGATGGATGGACCCGCGGTGCATTAGCTAGTTGGTGAG				240
Carnobacterium	AAAAGGTGGCTTCGGCTACCGCTTATGGATGGACCCGCGGTGATTAGCTAGTTGGTGAG				269
Abiotrophia	GAAAGGTGGCGCAAGCTATCGCTAAGAGATGGACCCGCGGTGCATTAGCTAGTTGGTAGG				264
Eremococcus	GAAAGATGGCTCTG-CTATCACTCAAGGATGGCCCGCGGTGCATTAGCTAGTTGGTAAG				230
Aerococcus	GAAAGACGGCTCTG-CTGTCACTTATAGATGACCTTTCGGGTGCATTAGTTAGTTGGTGGG				266
Enterococcus	GAAAGCGCTTTCGGGTGTGCTGATGGATGGACCCGCGGTGATTAGCTAGTTGGTGAG				257
Pediococcus	AAAAGATGGCTCTG-CTATCACTTCTGGATGGACCCGCGCGCATTAGCTAGTTGGTGAG				292
Streptococcus	AAAAGGTGCAATG--CATCACTACCAGATGGACCTGCGTTGTATTAGCTAGTTGGTGAG				261
Lactococcus	GAAAGATGCAATG--CATCACTCAAAGATGATCCCGCTTGTATTAGCTAGTTGGTGAG				259
Lactobacillus	GAAAGCGCGCTAACGCTGTCACTTATGGATGAGCCCGCGGTGATTAGCTAGTTGGTGAG				271
Leuconostoc	AAAAGGCGCTACGG--CGTCACCTAGAGATGGATCCGCGGTGCATTAGTTAGTTGGTGGG				152
Fructobacillus	AAAAGCTGCGTTTG--CAGCGCTTAAAGATGGATTCGCGGTGCATTAGTTAGTTGGTGAG				229
Oenococcus	GAAAGGTCTCTTTG--GATCGCTAGAGGATGGTCTTCGCGCTATTAGCTGTTGGTAGG				229
Weissella	CAAGGTAGCCGTAG--GAGAACCTGCGGTGGATCACC--TCCTTCTAAGGAAAATCGG				168
	:... . . . *			:** : :*... *	
FSnh1.	GTAACGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG				256
FSnhA.	GTAACGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG				257
Granulicatella	GTAACGGCTCACCAAGGCGATGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				300
Carnobacterium	GTAATGGCTCACCAAGGCGATGATACGTAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				329
Abiotrophia	GTAAGNCTTACCAAGGCGATGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				324
Eremococcus	GTAACGGCTTACCAAGGCCATGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTAAATCGGCCACACTGG				290
Aerococcus	GTAATGGCTTACCAAGGCGATGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				326
Enterococcus	GTAACGGCTCACCAAGGCCACGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				317
Pediococcus	GTAACGGCTCACCAAGGCGATGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTAAATCGGCCACACTGG				352
Streptococcus	GTAACGGCTCACCAAGGCAACGATACATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				321
Lactococcus	GTAAGGCTCACCAAGGCGATGATACATAGCCGACCTGAGAGGGTATCGGCCACACTGG				319
Lactobacillus	GTAAGGCTTACCAAGGCGATGATGCATAGCCGAGTTGAGAGACTGATCGGCCACACTGG				331
Leuconostoc	GTAAGGCTTACCAAGGCGATGATGCATAGCCGAGTTGAGAGACTGATCGGCCACACTGG				212
Fructobacillus	GTAAGGCTTACCAAGGCGATGATGCATAGCCGAGTTGAGAGACTGACCGGCCACACTGG				289
Oenococcus	GTAAAGCCTACCAAGGCAATGATGCATAGCCGAGTTGAGAGACTGACCGGCCACACTGG				289
Weissella	----AAACCTACACATTCAACGAAACGATATTTAGTTTTGAGTATTACACTCAATGAA				224
	. * ** . * * . ** : * : . . * :*** : . . * . . *				
FSnh1.	AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTCACAAATGGGC				316
FSnhA.	AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTCACAAATGGGC				317
Granulicatella	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				360
Carnobacterium	GACTGAGACACGGCCCAAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				389
Abiotrophia	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				384
Eremococcus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				350
Aerococcus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGC				386
Enterococcus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				377
Pediococcus	GACTGAGACACGGCCCAAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				412
Streptococcus	GACTGAGACACGGCCCAAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				381
Lactococcus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				379
Lactobacillus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				391
Leuconostoc	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC				272
Fructobacillus	GACTGAGACACGGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGC				349
Oenococcus	GACTGAGACACTGCCCAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATTTCCGCAATGCAC				349
Weissella	GACAGAGAGTCG---AATCTCT---GGGA---CTGTAG---CTCAGCTGGTTAGAGC				269
	.**:* ** : * . :*** * ** * :*** * . * : . : : * . *				
FSnh1.	GCAAGCCTGATGCAGCCATGCCCGGTGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACT--				374
FSnhA.	GCAAGCCTGATGCAGCCATGCCCGGTGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACT--				375
Granulicatella	GCAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				419
Carnobacterium	GAAAGTCTGACGGAGCAATGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				448
Abiotrophia	GCAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				443
Eremococcus	GCAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				409
Aerococcus	GAAAGCCTGACGGAGCAATGCCCGGTGAGTGAAGAAGGCCTTCGGGTCGTAAAAGTCT-G				445
Enterococcus	GAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				436
Pediococcus	GCAAGTCTGATGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGCTCGTAAAAGTCT-G				471
Streptococcus	GGAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				440
Lactococcus	GAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				438
Lactobacillus	GCAAGTCTGATGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAAGTCT-G				450
Leuconostoc	GCAAGCCTGATGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGGTCGTAAAAGTCT-G				331
Fructobacillus	GCAAGCCTGATGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGGTCGTAAAAGTCT-G				408
Oenococcus	GAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGGTCGTAAAAGTCT-G				409
Weissella	GCACCCCTGATAAGG-----GTGAG-GTCGGAGG--TTCGAGTC-----CTCT-309				

---dilanjutkan pada halaman berikutnya

	* * . *** . *	***: . *: * .*** **** . *	: **
FSnh1.	TTCAGCGGGGAGGAAGGGAGTAAAGTTAATACCTTTGCTCATTGACGTTACCCGAGAAAG	434	
FSnhA.	TTCAGCGGGGAGGAAGGGAGTAAAGTTAATACCTTTGCTCATTGACGTTACCCGAGAAAG	435	
Granulicatella	TTGTTAGAGAAGAACAAGGTAGAGT-AACTGTTAGCGCCTTGACGGTATCTAACCAGA	478	
Carnobacterium	TTGTTAGAGAAGAACAAGGTAGAGT-AACTGTTAGCGCCTTGACGGTATCTAACCAGA	507	
Abiotrophia	TTGTTAGAGAAGAACAAGGTAGAGT-AACTGTTAGCGCCTTGACGGTATCTAACCAGA	502	
Eremococcus	TTATTAGCCAAGAACACCCCTAGTAGT-AACTGGCTAGGGATTGACGGTAACTAATCAGA	468	
Aerococcus	TTATAAGAGAAGAACAATTTAGTAGT-AACTGCTACAGTCTTGACGGTATCTTATCAGA	504	
Enterococcus	TTGTTAGAGAAGAACAAGGTAGAGT-AACTGTTAGCGCCTTGACGGTATCTAACCAGA	495	
Pediococcus	TTGTTAAAGAAGAACGTTGGGTGAGAGT-AACTGTTACCCAGTGACGGTATTTAACCAGA	530	
Streptococcus	TTGTAAGAGAAGAACGAGTGTGAGAGTGGAAAGTTTACACTGTGACGGTATCTTACCAGA	500	
Lactococcus	TTGGTAGAGAAGAACGTTGGGTGAGAGTGGAAAGTTCATCAAGTGACGGTAACTACCAGA	498	
Lactobacillus	TTGTTAGAGAAGAACAAGGTAGAGT-AACTGTTAGCGCCTTGACGGTATCTAACCAGA	509	
Leuconostoc	TTGTATGGGAAGAAATGCTAAAATAGG-GAATGATTTTAGTTTGACGGTACCATAACCAGA	390	
Fructobacillus	TTGTATGGGAAGAACGGGTTTAAAGAGG-AAATGCTTAAACAGTGACGGTACCATAACCAGA	467	
Oenococcus	TTGTAAGGAAGAATAACTGAATTCAGAGAAAGTTTTTCAGCTTGACGGTACCTTACCAGA	469	
Weissella	-----CAGTCCCATGATATGGGG-----AATTAGC-----TCAGCTGGGA	344	
	* * . *** . *	***: . *: * .*** **** . *	: **
FSnh1.	AAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCG	494	
FSnhA.	AAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCG	495	
Granulicatella	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	538	
Carnobacterium	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	567	
Abiotrophia	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	562	
Eremococcus	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	528	
Aerococcus	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	564	
Enterococcus	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	555	
Pediococcus	AAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCG	590	
Streptococcus	AAGGGACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTCCCGAGCGTTGTCCG	560	
Lactococcus	AAGGGACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTCCCGAGCGTTGTCCG	558	
Lactobacillus	AAGTCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCG	569	
Leuconostoc	AAGGGACGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGTCCCGAGCGTTATCCG	450	
Fructobacillus	AAGGGACGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGTCCCGAGCGTTATCCG	527	
Oenococcus	AAGGGATGGCTAAATACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTATGTCCCGAGCGTTATCCG	529	
Weissella	GAGCACCTGCTT-----TGCAAGCAG--GGGGTTCATCGGTTTCAACCCGATATCTCC-	395	
	* * . ***: . ***.***** * ***.** . * : * * . . .** : *		
FSnh1.	GAATTACTGGGCGTAAAGCGCAGC-CAGGCGGTTTGTAAAGTCA--GATGTGAAATCCCC	551	
FSnhA.	GAATTACTGGGCGTAAAGCGCAGC-CAGGCGGTTTGTAAAGTCA--GATGTGAAATCCCC	552	
Granulicatella	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTCTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCC	595	
Carnobacterium	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTCTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCC	624	
Abiotrophia	GATTTATTTGGGCGTAAAGGGAGTG-TAGGCGGTTCTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCA	619	
Eremococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGGGAGCG-CAGGCGGTTGACTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCA	585	
Aerococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGGGAGCG-CAGGCGGTTCTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCA	621	
Enterococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTCTTAAAGTCT--GATGTGAAAGCCCC	612	
Pediococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTCTTAAAGTCT--AATGTGAAAGCCTT	647	
Streptococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTAGATAAGTCT--GAAGTAAAGCGTG	617	
Lactococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTTTATTAAGTCT--GGTGTAAAGGCAG	615	
Lactobacillus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGGCGGTAATGATAAGTCT--GATGTGAAAGCCCA	626	
Leuconostoc	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGACGGTTGATTAAGTCT--GATGTGAAAGCCCG	507	
Fructobacillus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGACGGTTGCTTAAAGTCT--GAAGTAAAGCCCA	584	
Oenococcus	GATTTATTTGGGCGTAAAGCGAGCG-CAGACGGTTTATTAAGTCT--GATGTGAAATCCCG	586	
Weissella	-----ATAACAACCATCTGGTTGTAAATAGTTCTTTGAAAACCTGAATCAT	441	
	*:*. . . . :*. * : ** . ** : . . . : . * *		
FSnh1.	GGGCTCAACCTGGGAACCTGATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGTAG	611	
FSnhA.	GGGCTCAACCTGGGAACCTGATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGTAG	612	
Granulicatella	CGGCTCAACCGGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAGAGTGG	655	
Carnobacterium	CGGCTCAACCGGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAGAGTGG	684	
Abiotrophia	CGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAGAGCGG	679	
Eremococcus	CGGCTTAAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGTCACCTGAGTACAGAAAGAGGAAAGCGG	645	
Aerococcus	CGGCTTAAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAAAGTGG	681	
Enterococcus	CGGCTCAACCGGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAGAGTGG	672	
Pediococcus	CGGCTCAACCGAAGAAGTGCATTGGAAACTGGGAACTTGAGTGCAGAAAGAGGAAAGTGG	707	
Streptococcus	TGGCTTAAACCATAGTACG-CTTTGGAAACTGTTTAACTTGAGTGCAGAAAGGGGAGAGTGG	676	
Lactococcus	TGGCTCAACCATGTATG-CATTGGAAACTGGTAGACTTGAGTGCAGAGAGGAGAGAGTGG	674	
Lactobacillus	CGGCTCAACCGTGGAACTGCATCGGAAACTGTCAATCTTGAGTGCAGAAAGAGGAGAGTGG	686	
Leuconostoc	GAGCTCAACTCGGAATGGCATTGGAAACTGGTAACTTGAGTGTGTAGAGGTAAGTGG	567	
Fructobacillus	CAGCTCAACTGTGGAATGGCTTTGGAAACTGGGCAACTTGAGTGCAGTAGAGGTAAGTGG	644	
Oenococcus	AGGCCCAACCTCGGAACCTGCATTGGAAACTGATTTACTTGAGTGCAGATAGAGGCAAGTGG	646	
Weissella	AATTGTAAATTTTTAAATTCATTA-TAATTGATCATATCAATTAATTTAGCCGAAAAA	500	

---dilanjutkan pada halaman berikutnya



```

      .      **      .:      **:      ::*      **      . *      * *      . . .      . . .
FSnh1.      AATTCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCCG 671
FSnhA.      AATTCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCCG 672
Granulicatella      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 715
Carnobacterium      AATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 744
Abiotrophia      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 739
Eremococcus      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 705
Aerococcus      AACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 741
Enterococcus      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 732
Pediococcus      AACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 767
Streptococcus      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 736
Lactococcus      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 734
Lactobacillus      AATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 746
Leuconostoc      AACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 627
Fructobacillus      AACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 704
Oenococcus      AACTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCCG 706
Weissella      TACACCGCGTAATTTTTTGTAGTTTTTTAAATAAGTTTTAAATCGCTTGTGACCATTGAG- 559
      : * : ** . ** . : :      * . . : *      * * * * : *      * . . : . *      * * * * : * : *
FSnh1.      CCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 731
FSnhA.      CCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 732
Granulicatella      CTCTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATA 775
Carnobacterium      CTCTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 804
Abiotrophia      CTCTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 799
Eremococcus      CTTTCTGGTCTGATACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 765
Aerococcus      CATTCTGGTCTGTTACTGACACTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 801
Enterococcus      CTCTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 792
Pediococcus      CTGTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATA 827
Streptococcus      CTCTCTGGCTTGTAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 796
Lactococcus      CTCTCTGGCCTGTAACGTGACACTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATA 794
Lactobacillus      CTCTCTGGTCTGCAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATA 806
Leuconostoc      CTTACTGGACAACAAGTACGCTGAGGCTCGAAAGTGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATA 687
Fructobacillus      CTTACTGGACTGCAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGTGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATA 764
Oenococcus      CTTGCTAGATCGTAACGTGACGCTGAGGCTCGAAAGTATGGGTAGCAAACGGGATTAGATA 766
Weissella      -TCACAATACTCAAACG-----AAATCATCAACGAAAGTTG---ATCGGGTAAGTTA 607
      * : .      * *      . .      * . : * . . : * : *      * * * * : * * *
FSnh1.      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGCTGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGG-CGTGGC 790
FSnhA.      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGCTGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGG-CGTGGC 791
Granulicatella      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 835
Carnobacterium      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 864
Abiotrophia      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 859
Eremococcus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 825
Aerococcus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 861
Enterococcus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 852
Pediococcus      CCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGATGATTACTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 887
Streptococcus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 856
Lactococcus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 854
Lactobacillus      CCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGATGAGCGCTAGGTGTGGGGACTTTCCGGTCTCCTAG 866
Leuconostoc      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAACTAGGTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 747
Fructobacillus      CCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGGGATACTAGTTGTGGAGGGTTTCCGCCCTTCCAG 824
Oenococcus      CCCCCTGGTAGTCCATACCGTAACGATGGGTGCTAGTTGTAAAGAGGGTTTCCGCCCTCCTAG 826
Weissella      TTAAGGGCG--CATGGTGAATGCCTTGG-CACTAGGAG-----CCGATGAA 650
      . * *      * *      * : : *      * : *      * * : . : *
FSnh1.      TTCCGGAGCTAACCGTTAAGTTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCA 850
FSnhA.      TTCCGGAGCTAACCGTTAAGTTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCA 851
Granulicatella      TGCTGCAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 895
Carnobacterium      GCTGCACGTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 924
Abiotrophia      TGCTGGAGTTAANGCAATAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGNTGAAACTCA 919
Eremococcus      TGCTGGCGTTAACGCAATAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCCGCAAGACTGAAACTCA 885
Aerococcus      TGCCCGAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 921
Enterococcus      TGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 912
Pediococcus      TGCTGCAGCTAACGCATTAAGTATTCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 947
Streptococcus      TGCCCGAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 916
Lactococcus      T-ATGCACTAACGCAATAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 913
Lactobacillus      TGCCCGAGCAACGCATTAAGCGCTCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 926
Leuconostoc      TGCCGAAGCTAACGCATTAAGTATTCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 807
Fructobacillus      TGACGAAGCAACGCATTAAGTATCCGCCTGGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCA 884
Oenococcus      TGACGTAGCAAAACGCATTAAGCACCCGCCTGAGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTA 886
Weissella      GGACGGGACTAACACCG-----ATATGCCTCGGG-----AGCTGTAAGTAA 692

```

---dilanjutkan pada halaman berikutnya

```

      . *      : ** . *      . **** . **      . . * : ** * *
FSnh1.      AATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCG 910
FSnhA.      AATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCG 911
Granulicatella  AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 955
Carnobacterium  AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 984
Abiotrophia    AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 979
Eremococcus    AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 945
Aerococcus     AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAANNAACGCG 981
Enterococcus   AAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 972
Pediococcus    AAAGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGG--TTTATTCGAAGCTACGCG 1006
Streptococcus  AAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 976
Lactococcus    AAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 973
Lactobacillus  AAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 986
Leuconostoc   AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 867
Fructobacillus AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCG 944
Oenococcus     AAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGATACGCG 946
Weissella      GCTGTGATCCCGGGATTTC---CGAATGGGGGAACCCAACCTTGCTCAAGATTATCGTT 749
.. * : . * . **** . * . * . ** * * . * . : * * * * . * : **

FSnh1.      AAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCA-CGGAAGTTTTTCAGAGATGAGAA-TGTGCCTTC 968
FSnhA.      AAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCA-CGGAAGTTTTTCAGAGATGAGAA-TGTGCCTTC 969
Granulicatella AAGAACCTTACCAAGTCTTGACATCCT-TTGACCCTCTAGAGATAGAGC-TTTCCTTC 1013
Carnobacterium AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-TTGACCCTCTAGAGATAGAGC-TTTCCTTC 1042
Abiotrophia    AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCCGACGACCGCTCTAGAGATAGAG--TTTCTCTTC 1037
Eremococcus    AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-ATGACCCTCTAGAGATAGAG--TTTCTCTTC 1002
Aerococcus     AAGAACCTTACCAAGTCTTGACATCCT-TTGACCCTCTAGAGATAGAGC-TTTCCTTC 1039
Enterococcus   AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-TTGACCCTCTAGAGATAGAGC-TTTCCTTC 1030
Pediococcus    AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-CTGCCAACCTAAGAGATTAGGC-GTTCCTTC 1064
Streptococcus  AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACCGCTCTAGAGATAGAG--TTTCTCTTC 1034
Lactococcus    AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCTATTCCTAGAGATAGGA--AGTTCCTTC 1031
Lactobacillus  AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-GTGTACACCTAGAGATAGGTG-GTTCCTTC 1044
Leuconostoc   AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-TTGAAGCTTTAGAGATAGAGTGTCTCTTC 926
Fructobacillus AAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCT-TTGAAGTACTAGAGATAGTGTCTCTTC 1003
Oenococcus     AAAAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTAATGATCGCTTTTGTAAAG-CTTCTCTTC 1005
Weissella      TAATGAATACATAG-----TTAAACG-AAGGTAGACGTTGTGAACGAAACATCTCAT 802
: * . . . * : . . : . : * : * . * : * : * : * : *

FSnh1.      GGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTT 1028
FSnhA.      GGGAACCGTGAGACAGGTGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTT 1029
Granulicatella GGGGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1073
Carnobacterium GGGGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1102
Abiotrophia    GGAACGTCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1097
Eremococcus    GGAGCATAG-AGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1061
Aerococcus     GGGGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1099
Enterococcus   GGGGGCAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1090
Pediococcus    GGGGACAGAATGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1124
Streptococcus  GGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1094
Lactococcus    GGGACACGGGATACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1091
Lactobacillus  GGGGACGACAGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1104
Leuconostoc   GGAGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTCGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 986
Fructobacillus GGAAGCAAAGTGACAGGTGGTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1063
Oenococcus     GGAACATGGATACAGGTGGTGCATGGTTCGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT 1065
Weissella      AG-CAACAGGAGAAGAAAGAAAATCGATTCCGTCAG-TAGCGGCGAGCGAACGCGG--- 857
. *      : * . . . * : . . ** *      * * * * * * * * * * * * * *

FSnh1.      AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCGGTCCGGCCGGGAACCTCAA 1088
FSnhA.      AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCGGTCCGGCCGGGAACCTCAA 1089
Granulicatella AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATTAAGTGTGCCAGCATTGAG-TTGGGCACTCTA 1132
Carnobacterium AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATTAAGTGTGCCAGCATTGAG-TTGGGCACTCTA 1161
Abiotrophia    AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATAACTAGTGTGCCAGCATTNAG-ATGGGGACTCTA 1156
Eremococcus    AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATAACTAGTGTGCCAGCATTNAG-ATGGGGACTCTA 1120
Aerococcus     AAGTCCNCAACGAGCGCAACCCTTATTAAGTGTGCCAGCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1158
Enterococcus   AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCATCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1149
Pediococcus    AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATTAAGTGTGCCAGCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1183
Streptococcus  AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCATCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1153
Lactococcus    AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCATCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1150
Lactobacillus  AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCATCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1163
Leuconostoc   AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCAGCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1045
Fructobacillus AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATGTTAGTGTGCCAGCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1122
Oenococcus     AAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTATTAAGTGTGCCAGCATTNAG-TTGGGCACTCTA 1124
Weissella      -----AGGAGCCAAACCAGAG-----TGCTGCACTCTG-----GGG-----TT 892

```

---dilanjutkan pada halaman berikutnya

	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *
FSnh1.	AGGAACTGCCAGTGATAAACTGGAAGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGGCCCT	1148								
FSnhA.	AGGAGACTGCCAGTGATAAACTGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGGCCCT	1149								
Granulicatella	GTGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1192								
Carnobacterium	GTGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1221								
Abiotrophia	GTTAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1216								
Eremococcus	GTTAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1180								
Aerococcus	ATGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCAGCATGCCCT	1218								
Enterococcus	GCAAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1209								
Pediococcus	GTGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1243								
Streptococcus	GCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1213								
Lactococcus	ACGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAAATCATCATGCCCT	1210								
Lactobacillus	AAGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC AAGTCATCATGCCCT	1223								
Leuconostoc	GCGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGC GGGGACGACGTCAGATCATCATGCCCT	1105								
Fructobacillus	GACAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGC GGGGACGACGTCAGGTCATCATGCCCT	1182								
Oenococcus	ATGAGACTGCCGGTGATAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTC AAGTCATCATGCCCT	1184								
Weissella	GTAGGACTACCGTT-----GTGGAGTT-AC-AAATTTGTTTTATGACG	934								
FSnh1.	TACGACCAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGCATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGA	1208								
FSnhA.	TACGACCAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCATACAAAGAGAAACGACCTCCCAGAGA	1209								
Granulicatella	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGCAGCAGCAGCTCGCGAGG	1252								
Carnobacterium	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTCGCAAGGTCGCGAGG	1281								
Abiotrophia	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGCAGCAGCAGCTCGCGAGG	1276								
Eremococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGACGATACAACGAGCAGCAGCAGCAGCTCGCGAGG	1240								
Aerococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTCGCAAAACCGCGAGG	1278								
Enterococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGGAGTACAACGAGTTGCGAAGTCGCGAGG	1269								
Pediococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAAACCGCGAGG	1303								
Streptococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGTGGTACAACGAGTTCGCAAGCCGGTGACG	1273								
Lactococcus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTCGCGAGCAGTGTATG	1270								
Lactobacillus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGGCGATACAACGAGAAGCGAACC CGCGAGG	1283								
Leuconostoc	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGTATAACAACGAGTTGCCAACCTGCGAAG	1165								
Fructobacillus	TATGACTTGGGCTACACACGTGCTACAATGGCGTATAACAACGAGCAGCAGCAACCTGTGAAG	1242								
Oenococcus	TATGACTTGGGCAACACACGTGCTACAATGGGAAGTACAACGAGTTCGCAAAACCGCGAGG	1244								
Weissella	AATCAGCTGGGAAGCT---GAGCGAAACAGGGTGATAGCCCCG-----TATGCGAAA	983								
FSnh1.	GCAAGCGGACCTCATAAAAGTGCCTCGTAGTCCGGATTGGAGTCTGC-AACTCGACTCCAT	1267								
FSnhA.	ACAAGCGGACCTCATAAAAGTGCCTCGTAGTCCCGATTGGAGTCTGC-AACTCGACTCCAT	1268								
Granulicatella	GTAAGCGAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCCGGATTGTAGGCTGC-AACTCGCCTACAT	1311								
Carnobacterium	CCAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGC-AACTCGCCTGCAT	1340								
Abiotrophia	GTAAGCGAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGTAGTCTGC-AACTCGACTACAT	1335								
Eremococcus	GTAAGCGAATCTCTTAAAGCTTTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGC-AACTCGCTGCAT	1299								
Aerococcus	GCAAGCAAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGC-AACTCGCCTGCAT	1337								
Enterococcus	CTAAGCTAATCTCTTAAAGCTTTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGC-AACTCGCCTGCAT	1328								
Pediococcus	TTTAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGC-AACTCGCCTACAC	1362								
Streptococcus	GCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAGTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGC-AACTCGCCTACAT	1332								
Lactococcus	TTTAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGTAGGCTGC-AACTCGCCTACAT	1330								
Lactobacillus	GTAAGCGGATCTCTTAAAGCTTTCTCAGTTCGGACTGCAGGCTGC-AACTCGCCTGCAC	1342								
Leuconostoc	GTGAGCTAATCTCTTAAAGTACGCTCAGTTCGGACTGCAGTCTGC-AACTCGACTGCAC	1224								
Fructobacillus	GTAAGCGAATCTCTTAAAGTACGCTCAGTTCGGATTGTAGTCTGC-AACTCGACTACAT	1301								
Oenococcus	GTAAGCTAATCTCTTAAAGCTTTCTCAGTTCGGACTGCAGGCTGC-AACTCGACTCCAC	1303								
Weissella	GTAAGCAAATCCCGTGTAGGATCTGAGTACG-----GCCGG--ACACGTG-AAAT	1032								
FSnh1.	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGCAGCCCGG-----TTGGG-----	1312								
FSnhA.	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGCATGCCCG-----TACCGCCCCGGA---	1321								
Granulicatella	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1371								
Carnobacterium	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1400								
Abiotrophia	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1395								
Eremococcus	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGCAGCCACGGTGAATCCGTTCCCGGGTCT	1359								
Aerococcus	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGCAGCCACGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1397								
Enterococcus	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGCT	1388								
Pediococcus	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGCT	1422								
Streptococcus	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGCT	1392								
Lactococcus	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGCT	1390								
Lactobacillus	GAAGCTGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGCT	1402								
Leuconostoc	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCAGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1284								
Fructobacillus	GAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1361								
Oenococcus	GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGGAAATCAGCATGTCCGGTGAATACGTTCCCGGGTCT	1363								
Weissella	CCGGTCCGAAAC-----TGCGAGGACCATCTCGTAAGGCTAAATACTCCCTAGTGACC	1085								

---dilanjutkan pada halaman berikutnya

```

..*   ****:*   : ** *. * ** * : * . *   ::
-----
FSnh1.
FSnhA.
Granulicatella TGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCAAAGTCGGTGAGGTAACCT 1431
Carnobacterium TGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAAGACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCC 1460
Abiotrophia TGTACACACCGCCCGT----- 1411
Eremococcus TGTACACACCGCCCGTCACACCACGA----- 1385
Aerococcus TGTACACACCGNNCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCT 1457
Enterococcus TGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCT 1448
Pediococcus TGTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACACCCAAAGCCGGTGGGGTAACCT 1482
Streptococcus TGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCT 1452
Lactococcus TGTACACACCGCCCGTCACACCACGGGAGTTGGGAGTACCCGAAGTAGGTTGCCTAACCG 1450
Lactobacillus TGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTCTGCAATGCCCAAAGTCGGTGAGGTAACCT 1462
Leuconostoc TGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTTGTAAATGCCCAAAGCCGGTGGCC----- 1338
Fructobacillus TGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTTGGTAATGCCCAAAGCCGGTGGCTAACCT 1421
Oenococcus TGTACACACCGCCCGTCAAATCATGGGAGTCGGAAGTACCCAAAGTCGCTTGGCTAACTT 1423
Weissella GATAGTGAAC--CAGT---ACCGTGAGGGAAAGG----- 1114

-----
FSnh1.
FSnhA.
Granulicatella TTT--GGAGCCAGCCGCTAAGGTGGGATAGATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAA 1489
Carnobacterium TTTTGGGAGCCAGCCGCTAAGGTGGGACAGATAAATGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG 1520
Abiotrophia -----
Eremococcus -----
Aerococcus TTAT--GGAGCCAGCCGCGAAGGTGGGACAGATGATTGGGGNNNNNNNGTAACAAGNNNN 1516
Enterococcus TTTT--GGAGCCAGCCGCTAAGGTGGGATAGATGATTG----- 1485
Pediococcus TTTA--GGAGCTAGCCGCTAAGGTGGGACAGATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG 1541
Streptococcus TTTAGGAG----- 1460
Lactococcus CAAGGAGGGC--GCTTCTAAGGTAAGACCGATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAA 1508
Lactobacillus TTATAGGAGTCAAGCCGCTAAGGCAGGCAGATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG 1522
Leuconostoc -----
Fructobacillus TCGGGGAG--GAGCCGCTAAGGCAGGACTGATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAG----- 1475
Oenococcus TTAG---AGGCCGGTGCCTAAGGTAATAATC----- 1450
Weissella -----

-----
FSnh1.
FSnhA.
Granulicatell CCGTAA----- 1495
Carnobacteriu CCGT----- 1524
Abiotrophia -----
Eremococcus -----
Aerococcus NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGATCACCTCCTTTCT 1552
Enterococcus -----
Pediococcus CCGTAGGAGAACCTGCGGCTAAAACAACCTCCTTGA 1577
Streptococcus -----
Lactococcus CCA----- 1511
Lactobacillus CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTT--- 1555
Leuconostoc -----
Fructobacillus -----
Oenococcus -----
Weissella -----

```

Gambar 2. Alignment urutan basa DNA pengkode 16S rRNA isolat BAL FSnh 1 dan FSnh A dengan bakteri asam laktat dari genus yang berbeda dalam family Lactobacillaceae Genbank.

Hasil analisis kekerabatan dengan program BLAST-N kemudian dilanjutkan dengan analisis pohon filogenetik secara dua tahap dengan menggunakan program TREEVIEW X yang dikombinasikan dengan program NJplot. Tahap pertama menggunakan program TREEVIEW X untuk mensejajarkan sekuen kedua isolat BAL dengan isolat internasional dari genus yang berbeda dalam satu family yaitu Lactobacillaceae (Gambar 3).

Hasil analisis pohon filogenetik tahap pertama menunjukkan bahwa kedua isolat BAL memiliki skor kesejajaran tertinggi dengan *Lactobacillus* sebesar 75 dan skor kesejajaran terendah dengan *Weissella* sebesar 39. Skor kesejajaran antara isolat BAL FSnh 1 dan isolat BAL FSnh A sebesar 92 yang menunjukkan bahwa kedua isolat tersebut berada dalam genus yang sama yaitu *Lactobacillus*. Tahap kedua adalah mensejajarkan kedua isolat BAL

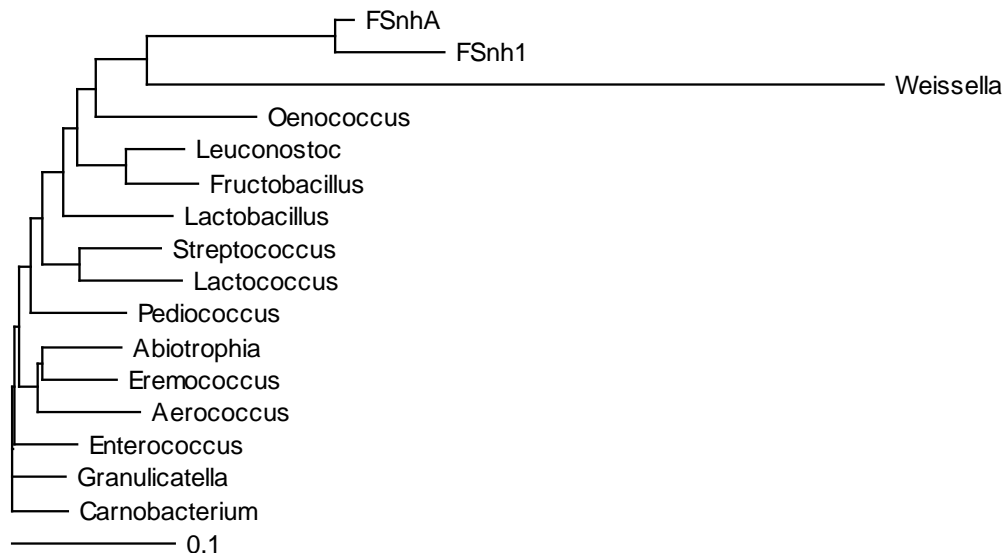
dengan isolat internasional dari spesies yang berbeda dalam genus *Lactobacillus* dari hasil tahap pertama. Hasil analisis pohon filogenetik tahap kedua menunjukkan bahwa isolat FSnh 1 memiliki skor tertinggi sebesar 75 dengan *Lactobacillus salivarius* ATCC 11741, sedangkan isolat FSnh A memiliki skor tertinggi sebesar 76 dengan *Lactobacillus fructivorans* (Gambar 4).

*L. salivarius* dan *L. fructivorans* memiliki skor kesejajaran sebesar 89 yang menunjukkan kekerabatan yang dekat antara kedua isolat *L.*

*salivarius* dan *L. fructivorans* yaitu genus *Lactobacillus*. Berdasarkan hasil tersebut menunjukkan bahwa fermentasi spontan pisang var agung semeru didominasi oleh bakteri asam laktat genus *Lactobacillus* sp. Pisang var agung semeru merupakan salah satu jenis pisang olahan (plantain) yang memiliki kadar pati lebih dari 70g/100g tepung yang dihasilkan. Reddy et al. (2008) menjelaskan bahwa *Lactobacillus* sp juga dapat ditemukan pada produk pangan berpati seperti pada fermentasi singkong, beras, dan gandum.

Tabel 3. Hasil analisis sekuen gen 16SrRNA menggunakan program BLAST-N

Isolat	Spesies Bakteri Asam Laktat Homolog	Query Coverage (%)	Identitas Maksimal (%)	Kode Akses
FSnh 1	<i>Lactobacillus delbruecki</i> subsp. <i>bulgaricus</i> NDO2	86	81	NC 008054.1
	<i>Lactobacillus amylovorus</i> GRL 1112	86	80	ACKV01000113.1
	<i>Lactobacillus iners</i> LEAF	85	80	AEKH01000023.1
FSnh A	<i>Lactobacillus iners</i> LEAF	84	81	AEKH01000023.1
	<i>Lactobacillus delbruecki</i> subsp. <i>bulgaricus</i> NDO2	85	81	NC 008054.1
	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> subsp. <i>cremoris</i> ATCC 19254	85	80	ACKV01000113.1

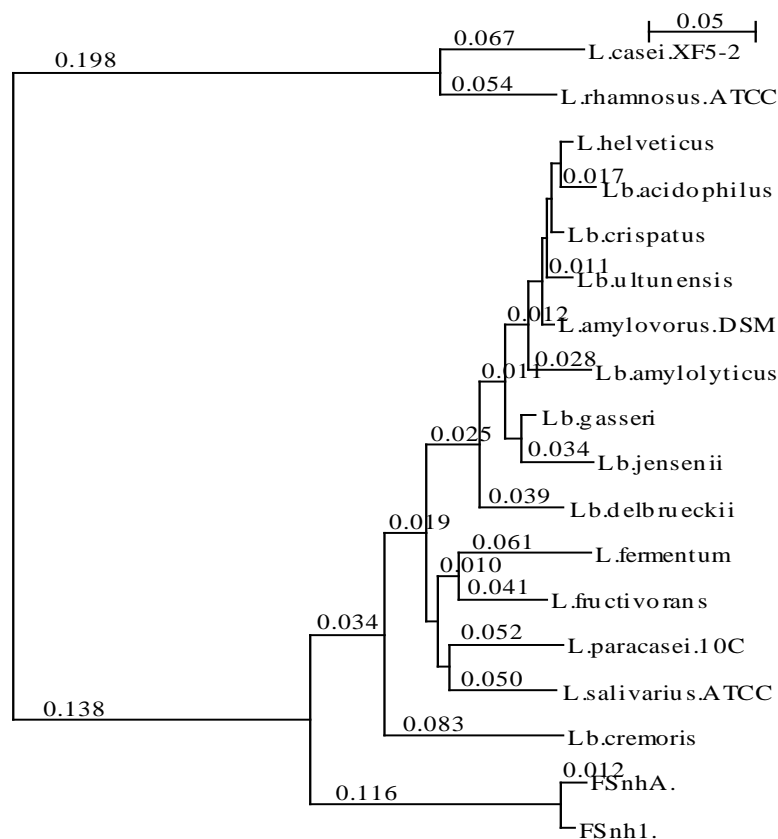


Gambar 3. Pohon filogenetik berdasarkan sekuen DNA pengkode 16S rRNA dari isolat bakteri asam laktat yang dibandingkan dengan sekuen DNA pengkode 16S rRNA bakteri asam laktat Genbank menggunakan program TREEVIE X.

*Lactobacillus* adalah bakteri gram positif, katalase negatif, dengan bentuk sel basil, bersifat homofermentatif maupun heterofermentatif (Reddy *et al.* 2008). *Weissella* merupakan bakteri gram positif, katalase negatif, dengan bentuk sel kokobasil, yang dapat diisolasi dari habitat yang luas seperti tanah, sayuran segar, pangan terfermentasi, daging dan produknya (Vela *et al.* 2003). *Weissella sp* juga ditemukan pada susu kuda sumbawa (Sujaya *et al.* 2008), ampas kedelai (Malik *et al.* 2008) dan penghasil dekstran pada adonan asam gandum/wheat sourdough (Katina *et al.* 2009).

Fermentasi spontan pisang var agung semeru dilakukan secara terendam dalam akuades steril dengan menggunakan erlenmeyer dan ditutup secara aseptis. Kondisi

demikian memungkinkan bakteri anaerob fakultatif atau mikroaerofilik seperti *L. salivarius* dan *L. fructivorans* yang tumbuh dalam kondisi oksigen terbatas. *Lactobacillus salivarius* adalah bakteri gram positif dengan G+C 32,9%, batang pleomorfik, anaerob fakultatif, katalase negatif, nonmotil, homofermentatif obligat, tumbuh baik pada suhu 37°C (Stern *et al.* 2006). Bakteri tersebut hidup di inang seperti pada mulut mamalia termasuk manusia (Mozzi *et al.* 2010). *Lactobacillus fructivorans* merupakan bakteri asam laktat berbentuk batang, dapat tumbuh pada suhu 45°C tetapi tidak pada suhu 15°C, heterofermentatif obligat, dapat membentuk gas dari glukosa dan glukonat (Dicks & Endo 2009).



Gambar 4. Pohon filogenetik berdasarkan sekuen DNA pengkode 16S rRNA dari isolat bakteri asam laktat yang dibandingkan dengan sekuen DNA pengkode 16S rRNA bakteri asam laktat Genbank menggunakan program NJplot.

## KESIMPULAN

Berdasarkan identifikasi fenotipik terdapat dua kelompok bakteri asam yaitu kelompok I (isolat FSnh 1) yang terdiri atas sepuluh isolat dengan karakteristik sel bentuk batang pendek, koloni bulat sedang, berwarna putih susu dengan elevasi cembung, tidak membentuk gas dan dapat tumbuh pada suhu 15°C dan 45°C serta tumbuh optimal pada suhu 35°C dan kelompok II (isolat FSnh A) yang terdiri atas dua isolat dengan karakteristik sel bentuk batang pendek, koloni bulat kecil berwarna putih bening dengan elevasi seperti tetesan, membentuk gas dan tumbuh optimal pada suhu 35°C dan 45°C tetapi tidak tumbuh optimal pada suhu 15°C.

Hasil uji fenotipik-biokimiawi dengan kit API 50 CHL menunjukkan kedua isolat tersebut mampu menggunakan gliserol, D-ribosa, D-xilosa, D-glukosa, D-fruktosa, D-mannosa, metil alfa D-glukopiranosit, N-asetil glukosamin, eskulin ferrisitat, salisin, D-seliobiosa, D-sakarosa dan gentibiosa dan potassium glukonat sebagai sumber karbon. Isolat FSnh 1 juga mampu menggunakan D-galaktosa, L-sorbosa, L-rhamnosa, amygdalin, sedangkan isolat FSnh A juga mampu menggunakan metil  $\alpha$ D-glukopiranososa, arbutin, D-maltosa, D-laktosa, D-trehalosa, D-turanosa dan potassium 5-ketoglukonat sebagai sumber karbon. Identifikasi genotipik berdasarkan sekuen DNA pengkode 16S rRNA menunjukkan bakteri asam laktat FSnh 1 dan FSnh A dalam satu family Lactobacillaceae dengan genus *Lactobacillus*. Hasil analisis pohon filogenetik menunjukkan isolat BAL FSnh 1 memiliki homologi dengan *Lactobacillus salivarius* dan isolat BAL FSnh A memiliki homologi dengan *Lactobacillus fructivorans*.

## DAFTAR PUSTAKA

- Antara NS. 2010. Peran bakteri asam laktat strain lokal untuk memperbaiki mutu dan keamanan produk pangan lokal. [Orasi Ilmiah]. Fakultas Teknologi Pertanian Universitas Udayana.
- Antara NS, IN Sujaya, A Yokota, K Asano, WR Aryanta, F Tomita. 2002. Identification and succession of lactic acid bacteria during fermentation of 'urutan', a Balinese indigenous fermented sausage. *World J Microbiol & Biotechnol* **18**: 255–262, 2002.
- Ammor S, C Rachmanb, S Chaillou, H Prevostb, X Doussetb, M Zagorecc, E Dufoura, I Chevalliera. 2005. Phenotypic and genotypic identification of lactic acid bacteria isolated from a small-scale facility producing traditional dry sausages. *J Food Microbiol* **22**: 373–382.
- Arief II, BSL Jenie, M Asyawan & Witarto AB. 2010. Efektivitas probiotik *Lactobacillus plantarum* 2C12 dan *Lactobacillus acidophilus* 2B4 sebagai pencegah diare pada tikus percobaan. *Media Peternakan*. **33**(3): 137-143.
- Dicks LMT & A Endo. 2009. Taxonomic Status of Lactic Acid Bacteria in Wine and Key Characteristics to Differentiate Species. *S. Afr. J Enol. Vitic* **30** (1): 72-90.
- Katina K, NH Maina, R Juvonen, L Flander, L Johansson, L Virkki, M Tenkanen & A Laitila. 2009. In situ production and analysis of *Weissella confusa* dextran in wheat sourdough. *J Food Microbiol* **26**: 734–743.
- Kusumawati N, BSL Jenie & Siswasetyahadi, Hariyadi RD. 2003. Seleksi Bakteri Asam Laktat Indigenus sebagai Galur Probiotik dengan Kemampuan Menurunkan Kolesterol. *J Mikrobiologi Indonesia* **8** (2): 39-43.
- Malik A, Donna M. Ariestanti, Anandayu Nurfachtiyani & Arry Yanuar. 2008. Skrining gen glukosiltransferase (*gtf*) dari bakteri asam laktat penghasil eksopolisakarida. *J Makara Sains* **12** (1): 1-6.
- Mozzi F, RR Raya, GM Fignolo. 2010. Biotechnology of Lactic Acid Bacteria: novel application. Wiley Blackwell Publishing. State Avenue-Ames-Iowa USA.
- Pangastuti A. 2006. Definisi Spesies Prokaryota Berdasarkan Urutan Basa Gen Penyandi 16s rRNA dan Gen Penyandi Protein. *J Biodiversitas* **7**(3) : 292-296.
- Plessis HW, LMT Dicks, Pretorius IS, Lambrechts MG & Toit MD. 2004. Identification of lactic acid bacteria isolated from South African brandy base wines. *Intern J Food Microbiol* **91**: 19– 29.
- Reddy G, M Altaf, BJ Naveena, M Venkateshwar, & EV Kumar. 2008. Amyolytic bacterial lactic acid fermentation — A review. *J Elsevier-Biotechnol Adv* **26**: 22–34.
- [RPJMD] Kabupaten Lumajang. 2009. Rencana Pembangunan Jangka Kabupaten Menengah Daerah Kabupaten Lumajang 2010 - 2014.
- Sambrook J & DW Russel. 2008. Molecular Cloning a Laboratory Manual, Third Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Suharsono & U Widyastuti. 2008. Penuntun Praktikum; Pengantar Genetika Molekuler. Departemen Biologi-FMIPA. Institut Pertanian Bogor.
- Stern NJ, Svetoch EA, Eruslanov BV, Perelygin VV, Mitsevich EV, Mitsevich IP, Pokhilenko VD, Levchuk VP, Svetoch OE & Seal BS. 2006. Isolation of a *Lactobacillus salivarius* strain and purification of its bacteriocin, which is inhibitory to *Campylobacter jejuni* in the chicken gastrointestinal system. *J Antimicrobial Agents and Chemotherapy* **50** (9) :3111–3116.

- Sujaya N, Y Ramona, NP Widarini, NP Suariani, NMU Dwipayanti, KA Nociaanitri & NW Nursini. 2008. Isolasi dan Karakterisasi Bakteri Asam Laktat dari Susu Kuda Sumbawa. *J Veteriner* **9** (2): 52-59 .
- Tamang B, JP Tamang, U Schillinger, CMAP Franz, M Gores & WH Holzapfel. 2008. Phenotypic and genotypic identification of lactic acid bacteria isolated from ethnic fermented bamboo tender shoots of North East India. *Intern J Food Microbiol* **121**: 35–40.
- Thompson JD, DG Higgins & TJ Gibson. 1995. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, Positionspecific gap penalties and and weight matrix choice. *Nucleic Acid Res* **22**: 4673-4680.
- Vela AI, C Porrero, J Goyache, A Nieto, B Sánchez, V Briones, MA Moreno, L Domínguez & JF Fernández-Garayzábal. 2003. *Weissella confuse* Infection in Primate (*Cercopithecus mona*). *J Emerging Infectious Diseases* **9** (10), October 2003.
- Ward, D.M. 1998. A natural species concepts for procaryotes. *Current Opinion in Microbiol* **1**: 271-277.