JURNAL PESISIR DAN LAUT TROPIS
E-ISSN: 2339-1537
Vol 14 No. 3 : 295-301 (2026)

Molecular Identification of Microbes Capable of Growing Outside Their Host *Lissoclinum Patella* Originated from Talise Waters, North Minahasa

(*Identifikasi Molekuler Mikroba yang Dapat Tumbuh di Luar Inangnya Ascidia Lissoclinum patella dari Perairan Talise, Minahasa Utara*)

Trezya N.S. Pangemanan[1*], Inneke F.M. Rumengan[2], Deiske A. Sumilat[2] , Stenly Wullur[2], Rosita A.J. Lintang[2], Juliet M.E. Mamahit[3]

[1]Aquatic Science Study Program, Master's Degree, Sam Ratulangi University, Manado.
[2]Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University, Manado.
[3]Faculty of Agriculture, Sam Ratulangi University, Manado.

(Received 4 Sep. 2026; Revised 19 Sep. 2026; Accepted 20 Sep. 2026)

ABSTRACT. Ascidian *Lissoclinum patella* is known to harbor a diverse community of symbiotic microorganisms, however, information on symbiotic microbes capable of growing outside their host originated from the waters of Talise is still limited. This study aimed to molecularly identify microorganisms capable of growing outside the host *L. patella* collected from Talise waters, North Minahasa, Indonesia. Ascidian samples were collected by SCUBA diving and transported to the Marine Biotechnology and Marine Pharmacy Laboratory, Faculty of Fisheries and Marine Science, Sam Ratulangi University. Microbial suspensions were aseptically prepared from *L. patella* tissues and inoculated into sterile seawater (35 ppt salinity) enriched with NPK fertilizer (32-10-10). After approximately one month of growth outside the host, about 10 mL of the microbial culture was collected for DNA isolation. The microbe 16S rRNA gene was amplified by PCR, and the amplicons were analyzed by 1% agarose gel electrophoresis. PCR products were subsequently sequenced and compared with sequences available in the NCBI GenBank database. BLAST analysis revealed the highest sequence similarity (99.29%) to three reference sequences in the NCBI GenBank database: *Oceanicella* sp. strain SMB1, *Oceanicella* sp. strain IB204559, and *Rhodovulum* sp. strain SMB1. Future studies should focus on obtaining monospecies isolates on solid agar media prior to independent cultivation outside the host, thereby enabling the exploration of the molecular potential of specific species.
Keywords: 16S rRNA, host, *Lissoclinum patella,* microbes, molecular identification

ABSTRAK. Ascidia *Lissoclinum patella* diketahui berasosiasi dengan berbagai mikroba simbion, namun informasi mengenai mikroba yang mampu tumbuh di luar inangnya dari Perairan Talise masih terbatas. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi secara molekuler mikroba yang dapat tumbuh di luar inangnya ascidia *L. patella* asal Perairan Talise, Minahasa Utara. Sampel ascidia diambil menggunakan SCUBA, kemudian dibawa ke Laboratorium Bioteknologi dan Farmasetika Laut, FPIK Universitas Sam Ratulangi. Suspensi mikroba diperoleh secara aseptik dari jaringan *L. patella* dan diinokulasikan pada media air laut steril bersalinitas 35 ppt yang diperkaya NPK 32-10-10. Setelah tumbuh sekitar 1 bulan di luar inangnya, sekitar 10 mL medium tumbuh mikroba diambil untuk isolasi DNA, dan diamplifikasi dengan primer 16S rRNA, kemudian amplikon dielektroforesis dengan gel agarosa 1%. Produk PCR disekuens dengan penjajaran terhadap basis data NCBI GenBank. Hasil BLAST menunjukkan tingkat kemiripan tertinggi 99,29% dengan tiga sekuens referensi pada NCBI GenBank, yaitu *Oceanicella* sp. strain SMB1, *Oceanicella* sp. strain IB204559, dan *Rhodovulum* sp. strain SMB1. Ke depan masih perlu dilakukan isolasi monospesies pada medium agar sebelum ditumbuhkan terpisah inang, untuk eksplorasi potensi molekuler spesies spesifik.
Kata kunci: 16S rRNA, inang**,** *Lissoclinum patella*, mikroba, identifikasi molekuler

*corresponding author :
Email: trezyapangemanan055@student.unsrat.ac.id

PENDAHULUAN

Ascidia merupakan avertebrata laut sesil dari subfilum Tunikata yang dikenal sebagai salah satu inang penting bagi berbagai komunitas mikroba. Organisme ini dapat menyediakan mikrohabitat yang stabil bagi bakteri, aktinobakteri, sianobakteri, dan fungi, serta menjadi salah satu sumber penting dalam eksplorasi senyawa bioaktif laut (Chen *et al*., 2018; Matos & Antunes, 2021). Hubungan antara ascidia dan mikroba asosiasinya tidak hanya memiliki nilai ekologis, tetapi juga penting dalam bioprospeksi, karena beberapa senyawa bioaktif yang sebelumnya dianggap berasal dari ascidia diketahui berkaitan dengan aktivitas mikroorganisme yang hidup berasosiasi dengan inangnya.

Lissoclinum patella merupakan ascidia dari famili Didemnidae yang banyak dikaji karena asosiasinya dengan mikroorganisme fotosintetik. Studi sebelumnya menunjukkan bahwa *L. patella* memiliki mikrohabitat yang kompleks, meliputi permukaan tunik, rongga kloaka, dan bagian tubuh lain yang dapat menampung komunitas mikroba berbeda (Behrendt *et al*., 2012; Kühl *et al*., 2012). Kondisi tersebut menunjukkan bahwa mikroba yang berasosiasi dengan *L. patella* tidak terbatas pada satu simbion utama, tetapi dapat mencakup beberapa kelompok mikroba yang beradaptasi terhadap variasi cahaya, oksigen, dan karakter mikrohabitat inang.

Kemampuan mikroba asosiasi untuk tumbuh di luar inangnya menjadi aspek penting dalam kajian mikrobiologi laut. Mikroba yang dapat dipertahankan dalam medium tumbuh di laboratorium berpotensi menjadi sumber biomassa yang lebih terkontrol untuk analisis molekuler dan pengembangan riset bioteknologi berikutnya. Namun, informasi mengenai mikroba dari *L. patella* asal Perairan Talise, Likupang, Minahasa Utara, yang mampu tumbuh di luar inangnya masih terbatas. Padahal, perairan ini merupakan bagian dari ekosistem laut tropis Sulawesi Utara yang memiliki potensi keragaman mikroba asosiasi yang belum banyak dikaji.

Identifikasi molekuler terhadap mikroba yang dapat tumbuh di luar inangnya diperlukan untuk mengetahui afiliasi taksonomi awal dari isolat yang diperoleh. Pendekatan sekuensing gen 16S rRNA masih banyak digunakan sebagai metode awal identifikasi bakteri karena mampu memberikan informasi berdasarkan kemiripan sekuens dengan basis data rujukan, meskipun interpretasinya tetap perlu dilakukan secara hati-hati apabila beberapa takson memiliki tingkat kemiripan yang sama atau sangat berdekatan (Janda & Abbott, 2007; Kim *et al*., 2014). Berdasarkan hal tersebut, penelitian ini bertujuan mengidentifikasi secara molekuler mikroba yang dapat tumbuh di luar inangnya, yaitu ascidia *L. patella* dari Perairan Talise, Minahasa Utara, berdasarkan analisis sekuens gen 16S rRNA.

METODE PENELITIAN

Pengambilan sampel *L. patella* dilakukan di Perairan Talise, Likupang, Minahasa Utara, menggunakan alat SCUBA. Sampel yang diperoleh dimasukkan ke dalam plastik sampel berlabel, disimpan dalam cool box, dan segera dibawa ke Laboratorium Bioteknologi dan Farmasetika Laut, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan,

Universitas Sam Ratulangi. Media tumbuh dibuat menggunakan air laut yang telah disaring dengan salinitas 35 ppt dan diperkaya pupuk NPK 32-10-10 (Growmore). Pupuk NPK ditimbang sebanyak 0,4 g dan dilarutkan dalam 100 mL air laut steril. Media dihomogenisasi menggunakan magnetic stirrer, dimasukkan ke dalam erlenmeyer, ditutup dengan kapas, kain kasa, dan aluminium foil, kemudian disterilkan menggunakan autoklaf pada suhu 121 °C selama ±60 menit.

Isolasi mikroba dilakukan secara aseptik dengan mengadaptasi metode isolasi mikroba fotosimbion dari inang Ascidiacea. Jaringan *L. patella* dibilas menggunakan air laut steril, kemudian ditekan menggunakan pinset steril hingga keluar suspensi kehijauan yang mengandung sel mikroba. Suspensi tersebut diinokulasikan ke dalam media cair steril, diletakkan pada *rotary shaker*, dibiarkan tumbuh dalam ruang pada suhu 25°C dan diberi penerangan dengan intensitas cahaya 12.000 lux.

Setelah medium tumbuh nampak cerah sekitar 1 bulan kemudian, biomassa sel mikroba dipisahkan dari media tumbuh dengan sentrifugasi pada 3000 rpm selama 10 menit. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan Genomic DNA Mini Kit (Geneaid) sesuai protokol pabrikan. Amplifikasi gen 16S rRNA dilakukan menggunakan 5X Ready-to-Load Master Mix (Solis Biodyne) dengan primer universal 27F dan 1492R. Siklus PCR (polymerase chain reaction) terdiri atas denaturasi awal 95 °C selama 3 menit, diikuti 35 siklus denaturasi 95 °C selama 30 detik, annealing 50 °C selama 30 detik, ekstensi 72 °C selama 1,5 menit, dan ekstensi akhir 70 °C selama 1 menit.

Produk PCR dielektroforesis pada gel agarosa 1%, dengan tegangan 100 volt selama 30 menit. Produk yang terkonfirmasi dan primer yang digunakan, kemudian dikirim untuk sekuensing ke First Base Laboratories, Malaysia. Kromatogram hasil sekuensing dianalisis menggunakan Geneious Prime/Geneious v5.6 untuk pemeriksaan kualitas dan *trimming*. Sekuens yang diperoleh dibandingkan dengan basis data National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank menggunakan Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Interpretasi hasil dilakukan berdasarkan *percent similarity*, *query cover*, *E-value*, *max score* dan *accession number.*

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil penjajaran sekuens gen 16S rRNA menggunakan BLAST menunjukkan tingkat kemiripan yang tertinggi (99,29%) dengan tiga sekuens referensi pada NCBI GenBank, yaitu *Oceanicella sp.* strain SMB1, *Oceanicella sp.* strain IB204559, dan *Rhodovulum sp.* strain SMB1, masing-masing dengan E-value 0 dan max score 763 (Gambar 1). Ketiga strain tersebut mewakili dua taksa bakteri laut, yaitu genus *Oceanicella* dan *Rhodovulum*, yang termasuk dalam kelas Alphaproteobacteria (Albuquerque *et al*., 2012; Rayyan *et al*. 2018).



Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Oceanicella sp. strain SMB1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Oceanicella sp.	763	763	100%	0.0	99.29%	1362	MZ276320.1
Oceanicella sp. strain IB204559 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Oceanicella sp.	763	763	100%	0.0	99.29%	1245	OR911567.1
Rhodovulum sp. SMB1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Rhodovulum sp.	763	763	100%	0.0	99.29%	1349	DQ866668.1
Rhodovulum sp. strain SM2-25 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Rhodovulum sp.	730	730	100%	0.0	97.87%	1312	MT829521.1
Oceanicella actignis strain PRQ-68 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Oceanicella actig...	684	684	99%	0.0	95.98%	1432	JQ864436.1
Uncultured alpha proteobacterium clone PNG_TBSL_B6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Alpha...	684	684	99%	0.0	95.98%	1449	JN881644.1
Uncultured alpha proteobacterium clone PNG_TBSL_B38 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Alpha...	684	684	99%	0.0	95.98%	1405	JN881653.1
Oceanicella actignis strain PRQ-67 16S ribosomal RNA, partial sequence	Oceanicella actig...	684	684	99%	0.0	95.98%	1431	NR_118425.1
Uncultured alpha proteobacterium clone PNG_TBSL_B63 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Alpha...	684	684	99%	0.0	95.98%	1395	JN881655.1
Uncultured bacterium clone 31 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured bacte...	684	684	99%	0.0	95.98%	1434	JQ183096.1
Uncultured bacterium clone NTS001Fast3_1040 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured bacte...	680	680	97%	0.0	96.38%	830	JQ366189.2
Uncultured bacterium clone TX2_7P20 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured bacte...	680	680	98%	0.0	96.18%	1437	JN178743.1
Uncultured Rhodobacteraceae bacterium clone C2_27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Rhod...	678	678	98%	0.0	96.16%	696	KJ611736.1
Uncultured Rhodobacteraceae bacterium clone TDNP_Boc97_264_1_71 16S ribosomal RNA gene, partial seque...	uncultured Rhod...	678	678	99%	0.0	95.74%	1428	FJ516788.1
Uncultured Rhodobacteraceae bacterium clone UVmen3_16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Rhod...	678	678	98%	0.0	96.16%	695	JQ701671.1
Uncultured alpha proteobacterium clone PNG_TBSL_B26 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Alpha...	678	678	99%	0.0	95.74%	1433	JN881650.1
Oceanicella actignis strain CLW 16S ribosomal RNA, partial sequence	Oceanicella actig...	678	678	99%	0.0	95.74%	1432	NR_109312.1
Uncultured bacterium clone AC0C2BF09 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured bacte...	676	676	98%	0.0	96.14%	1436	JQ427621.1

Gambar 1. Hasil pencocokan BLAST sekuens gen 16S rRNA isolat mikroba yang dikultivasi

Pada hasil BLAST, nilai persentase identitas menunjukkan proporsi nukleotida yang sama antara sekuens isolat dan sekuens referensi, sedangkan E-value menunjukkan peluang kecocokan terjadi secara acak. Nilai E-value 0 menunjukkan bahwa kecocokan sekuens sangat signifikan secara statistik. Dalam penelitian ini, kesamaan nilai identitas pada beberapa takson dari genus berbeda menunjukkan bahwa identifikasi tidak dapat langsung diarahkan hanya pada satu genus.

Kode strain “SMB1” pada hasil BLAST merupakan kode isolat rujukan dalam basis data, bukan nama spesies dan bukan penanda bahwa takson tersebut merupakan spesies utama. Kemunculan kode SMB1 pada *Oceanicella sp.* dan *Rhodovulum sp.* menegaskan bahwa interpretasi hasil perlu mempertimbangkan nama takson, accession number, query cover, persentase identitas, dan dukungan analisis lanjutan.

Dalam identifikasi berbasis gen 16S rRNA, nilai kemiripan di atas 98,65% umumnya menunjukkan kedekatan pada tingkat spesies atau kelompok yang sangat berkerabat dekat (Kim *et al*., 2014). Namun gen 16S rRNA memiliki keterbatasan dalam memisahkan takson yang sangat dekat, sehingga penentuan identitas isolat tidak sebaiknya hanya bergantung pada urutan pertama hasil BLAST (Janda & Abbott, 2007). Dalam konteks ini, isolat lebih tepat diinterpretasikan sebagai bakteri yang berafiliasi dekat dengan kelompok *Oceanicella/Rhodovulum*.

Kemunculan *Oceanicella sp.* menunjukkan kedekatan isolat dengan bakteri laut dari Alphaproteobacteria. Genus *Oceanicella* telah dilaporkan sebagai anggota Alphaproteobacteria yang berasal dari lingkungan laut dan memiliki karakter halofilik (Albuquerque *et al*., 2012). Namun, sampai saat ini belum ditemukan laporan yang secara spesifik menunjukkan asosiasi langsung antara *Oceanicella* sp. dengan *L. patella*. Di sisi lain, *Rhodovulum sp.* juga relevan dibahas karena muncul sebagai salah satu kecocokan tertinggi. *Rhodovulum* termasuk kelompok bakteri fototrofik ungu nonsulfur dalam Alphaproteobacteria dan berafiliasi dengan Rhodobacteraceae.

Rhodobacteraceae sendiri merupakan kelompok bakteri yang tersebar luas di lingkungan laut dan memiliki keragaman metabolik yang tinggi (Pohlner *et al*., 2019).

Beberapa anggota *Rhodovulum*, seperti *Rhodovulum sulfidophilum*, dikenal sebagai bakteri laut fototrofik yang mampu tumbuh dalam kondisi terang secara fototrofik maupun dalam kondisi oksik secara respiratif, serta memiliki kompleks fotosintetik yang mendukung pemanfaatan cahaya (Yue *et al*., 2026). Selain itu, kelompok bakteri pesisir yang berperan dalam metabolisme karbon dan sulfur dapat berkontribusi terhadap oksidasi senyawa sulfur serta fiksasi karbon di lingkungan pesisir (Yousuf *et al*., 2014). Oleh karena itu, munculnya *Rhodovulum* dalam hasil BLAST masih sesuai dengan konteks mikroba laut yang mampu beradaptasi pada kondisi lingkungan dengan cahaya dan variasi oksigen.

Studi mengenai mikrobioma *L. patella* menunjukkan bahwa ascidia ini memiliki mikrohabitat yang kompleks. Behrendt *et al*. (2012) melaporkan bahwa *L. patella* memiliki komunitas mikroba yang berbeda pada beberapa mikrohabitat, antara lain permukaan atas yang terekspos cahaya dan oksigen tinggi, rongga kloaka yang didominasi *Prochloron*, serta bagian lain yang dapat ditempati komunitas mikroba berbeda. Pada studi ini, genus *Prochloron* tidak terdeteksi, karena tidak menggunakan primer cao (cao-f 5’-CAA CCC CTA TGC CTT TTG AA-3′ dan cao-r 5′-TAA ACA ACC CAT GCT CCA CA3′) yang spesifik untuk genus itu. Selain itu, kajian mengenai mikroorganisme asosiasi ascidia menunjukkan bahwa Proteobacteria merupakan salah satu kelompok dominan, dan beberapa anggota Rhodobacteraceae, seperti *Pseudovibrio*, *Ruegeria*, dan *Stappia*, telah dilaporkan berasosiasi dengan ascidia (Chen *et al*., 2018). Dengan demikian, temuan isolat yang berafiliasi dengan *Oceanicella*/*Rhodovulum* masih dapat dipahami dalam konteks keragaman bakteri laut yang dapat tumbuh dari mikrohabitat ascidia, meskipun belum dapat dinyatakan sebagai asosiasi spesifik yang telah terbukti langsung pada *L. patella*.

Walaupun hasil BLAST menunjukkan kedekatan genetik yang kuat, Hasil identifikasi molekuler dengan primer untuk gen 16S rRNA ini belum dapat menunjukkan semua spesies penyusun mikrobioma pada jaringan ascidia *L. patella*, yang hanya dimungkinkan dengan pendekatan metagenomika atau analisis *environmental* DNA (eDNA). Sekuens yang dianalisis berasal dari kultur yang berhasil tumbuh di luar inang, bukan dari keseluruhan komunitas mikroba pada jaringan ascidia. Selain itu, spesies yang dominan memungkinkan terdeteksi dengan menggunakan primer yang lebih spesifik seperti primer untuk gen *cao* yang spesifik untuk mendeteksi *P. didemni,* seperti yang pernah dilaporkan oleh Rumengan *et al.* (2021).

KESIMPULAN

Isolat mikroba yang dapat tumbuh di luar inangnya *L. patella* asal Perairan Talise menunjukkan tingkat kemiripan tertinggi (99,29%) dengan 3 sekuens referensi pada GeneBank, yaitu *Oceanicella sp.* strain SMB1, *Oceanicella sp.* strain IB204559, dan *Rhodovulum sp.* strain SMB1. Ketiga strain ini tergolong bakteri laut dari kelas

Alphaproteobacteria. Dengan demikian, hasil ini menunjukkan adanya spesies mikroba laut yang mampu tumbuh di luar inangnya *L. patella* terdeteksi dengan primer dari gen 16S rRNA. Perlu dibuktikan lebih lanjut apakah *Oceanicella* atau *Rhodovulum* merupakan simbion utama dalam komunitas alami *L. patella*. Demikian pula isolasi monospesies pada medium agar sebelum ditumbuhkan terpisah inang, masih diperlukan untuk eksplorasi potensi molekuler spesies spesifik.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi melalui BIMA atas dukungan pendanaan penelitian melalui skema Penelitian Fundamental. Penelitian ini didanai berdasarkan Kontrak Induk Nomor 084/E5/PG.02.00.PL/2024, dan Kontrak Turunan Nomor 1880/UN12.13/LT/2024. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Dr. Beivy J. Kolondam atas bantuan dan fasilitas Laboratorium FMIPA Universitas Sam Ratulangi dalam pelaksanaan analisis DNA, serta kepada Laboratorium Bioteknologi dan Farmasetika Laut, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Sam Ratulangi, atas dukungan fasilitas selama pelaksanaan penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

Albuquerque, L., Rainey, F.A., Nobre, M.F., da Costa, M.S. 2012. *Oceanicella actignis* Gen. Nov., sp. Nov., a Halophilic Slightly Thermophilic Member of The Alphaproteobacteria. *Systematic and Applied Microbiology*, 35(6), 385-389. https://doi.org/10.1016/j.syapm.2012.07.001

Behrendt, L., Larkum, A.W.D., Trampe, E., Norman, A., Sorensen, S.J., Kuhl, M. 2012. Microbial Diversity of Biofilm Communities in Microniches Associated with The Didemnid Ascidian *Lissoclinum patella*. *The ISME Journal*, 6, 1222-1237. https://doi.org/10.1038/ismej.2011.181

Chen, L., Hu, J.S., Xu, J.L., Shao, C.L., Wang, G.Y. 2018. Biological and Chemical Diversity of Ascidian-Associated Microorganisms. *Marine Drugs*, 16(10), 362. https://doi.org/10.3390/md16100362

Janda, J.M., Abbott, S. L. 2007. 16S rRNA Gene Sequencing for Bacterial Identification in The Diagnostic Laboratory: Pluses, Perils, and Pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology*, 45(9), 2761-2764. https://doi.org/10.1128/jcm.01228-07

Kim, M., Oh, H.S., Park, S. C., Chun, J. 2014. Towards A Taxonomic Coherence Between Average Nucleotide Identity and 16s rRNA Gene Sequence Similarity for Species Demarcation of Prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64(2), 346-351. https://doi.org/10.1099/ijs.0.059774-0

Kuhl, M., Behrendt, L., Trampe, E., Qvortrup, K., Schreiber, U., Borisov, S. M., Klimant, I., Larkum, A. W. D. 2012. Microenvironmental Ecology of The Chlorophyll B-Containing Symbiotic Cyanobacterium *Prochloron* in The Didemnid Ascidian *Lissoclinum patella*. *Frontiers in Microbiology*, 3, 402. https://doi.org/10.3389/fmicb.2012.00402

Matos, A., Antunes, A. 2021. Symbiotic Associations in Ascidians: Relevance for Functional Innovation and Bioactive Potential. *Marine Drugs*, 19(7), 370. https://doi.org/10.3390/md19070370

Pohlner, M., Dlugosch, L., Wemheuer, B., Mills, H., Engelen, B., Reese, B. K. 2019. The Majority of Active Rhodobacteraceae in Marine Sediments Belong to Uncultured Genera: A Molecular

Approach to Link Their Distribution to Environmental Conditions. *Frontiers in Microbiology*, 10, 659. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00659

Rayyan, A.A., Meyer, T.E., Kyndt, J.A. 2018. Draft Genome Sequence and Brief History of *Rhodovulum* sp. Strain BSW8. *Microbiology Resource Announcements*, *7*(7), e00983-18. https://doi.org/10.1128/mra.00983-18

Rumengan, I.F.M., Roring, V.I.Y., Haedar, J. R., Siby, M.S., Luntungan, A.H., Kolondam, B.J., Uria, A. R., Wakimoto, T. 2021. Ascidian-Associated Photosymbionts from Manado, Indonesia: Secondary Metabolites, Bioactivity Simulation, and Biosynthetic Insight. *Symbiosis*, 84(1), 71–82. https://doi.org/10.1007/s13199-021-00766-4

Yousuf, B., Kumar, R., Mishra, A., Jha, B. 2014. Unravelling The Carbon and Sulphur Metabolism in Coastal Sediments. *PLoS ONE*, 9(9), e107025. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107025

Yue, X.Y., Wang, G.L., Kosaki, S., Nagashima, K.V.P., Wu, Y.L., Kobayashi, Y. 2026. Structural Insights into The Photochemistry of The Lh1-Rc Complex from The Marine Purple Phototrophic Bacterium *Rhodovulum sulfidophilum*. *Communications Biology*, 9, 502. https://doi.org/10.1038/s42003-026-09755-z