

Proses Identifikasi Jenis Bakteria Dengan Menggunakan Aplikasi BactFinder[®] (Bacterial Identification Process Using BactFinder[®] Mobile Application)

Nadiawati Alias^{1*}, Nor Hasima Mahmud¹, Noor Afiza Badaluddin¹ dan Mohammad Khairul Asyraf Ridzuan²

¹ Fakulti Biosumber dan Industri Makanan, Universiti Sultan Zainal Abidin, Kampus Besut, 22200 Besut, Terengganu. ² Fakulti Informatik dan Komputeran, Universiti Sultan Zainal Abidin, Kampus Besut, 22200 Besut, Terengganu.

E-mel: nadiawati@unisza.edu.my

Tarikh terima: 1 Oktober 2018

Tarikh diluluskan: 23 Julai 2019

ABSTRAK

BactFinder[®] merupakan aplikasi interaktif dan mudah alih yang dibina untuk memudahkan identifikasi dan pengenalpastian jenis bakteria yang ingin dikaji. Seperti yang diketahui umum, bakteria terdiri daripada domain mikroorganisma prokariotik yang besar dan pelbagai jenis, justeru itu pengenalpastian kumpulan bakteria ini memerlukan satu proses identifikasi yang sistematik dan teratur. Melalui aplikasi mudah alih ini, maklumat hasil daripada uji kaji biokimia dan ujian morfologi yang diperolehi daripada uji kaji di makmal perlu dimasukkan ke dalam aplikasi ini sebelum pengenalpastian bakteria boleh dilakukan. Sebelum ini, kaedah untuk pengenalpastian jenis bakteria memerlukan ahli akademik serta para pelajar untuk merujuk kepada buku-buku rujukan, artikel-artikel serta jurnal saintifik yang berkaitan. Proses ini sudah tentu memakan masa yang agak panjang dan kurang efektif. Aplikasi mudah alih ini dilengkapi dengan pangkalan data bagi 19 jenis ujian biokimia termasuk bakteria morfologi. Pangkalan data ini dibina merujuk kepada Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, Bergey's Manual of Determinative Bacteriology dan juga jurnal-jurnal saintifik yang berkaitan. Aplikasi mudah alih BactFinder[®] ini terbukti dapat memberikan respon yang cepat (± 2 saat) dan tepat dalam membantu para pelajar dan ahli akademik dalam proses pengenalpastian bakteria yang sedang dikaji di makmal. Aplikasi ini juga amat sesuai digunakan oleh pelajar prasiswazah, pascasiswazah dan ahli akademik

dalam bidang mikrobiologi, bioteknologi dan sains secara umumnya.

Kata kunci: *BactFinder[®], Aplikasi mudah alih, android, pengenalpastian jenis bakteria, mikrobiologi.*

ABSTRACT

BactFinder[®] is an interactive and mobile application built to facilitate bacteria identification. As widely known, bacteria are composed of large domains of prokaryotic microorganisms which are various in types, hence the identification of these bacterial groups requires a systematic and orderly identification process. Through this mobile app, experimental results from biochemical and bacterial morphological tests carried out in the laboratory before hand must be submitted to the application before bacterial identification can be performed. Previously, academics user and students have to refer to many references such as research books and related academic journals in order to finalise their bacteria identification. This process, of course, will take relatively longer time and less effective. This BactFinder[®] mobile application is equipped with a database of 19 types of biochemical tests including bacteria morphology. The database was built based on Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, Bergey's Manual of Determinative Bacteriology and other related scientific journals. The BactFinder[®] mobile app has been proved able to provide fast (± 2 seconds) and precise responses in helping students and academics user in the process of identifying bacteria species in the lab. This application is also suitable for undergraduate, post-graduate and academicians in the field of microbiology, biotechnology and science in general.

Keywords: *BactFinder[®], mobile application, android, bacteria identification, microbiology.*

PENGENALAN

BactFinder® adalah aplikasi mudah alih android yang direka sebagai pilihan alternatif *tools* di makmal untuk membantu dalam analisis pengenalpastian bakteria. Aplikasi ini juga dilengkapi dengan infografik dan maklumat umum mengenai bakteria yang ingin dikaji sebagai tambahan maklumat bagi pengguna yang masih baru dalam bidang mikrobiologi. Seperti yang diketahui umum, bakteria mempunyai kepelbagaian spesis yang besar dan luas (Gibbons & Gilbert, 2015; Bernhard & Kelly, 2016; Karimi *et al.*, 2017), disebabkan itu, proses pengenalpastian jenis bakteria yang dikaji di makmal perlu melalui proses yang spesifik dan tepat. Pengenalpastian bakteria ini adalah merupakan satu proses pencirian sistematik yang menggunakan teknik yang berbeza untuk tujuan pengenalpastian jenis bakteria yang sedang dikaji (Kootallur *et al.*, 2011; Sarethy *et al.*, 2014; Dai *et al.*, 2016; Vitorino & Bessa, 2018). Aplikasi mudah alih ini dimuatkan dengan pangkalan data yang terdiri daripada 19 jenis ujian biokimia dan ujian morfologi bakteria untuk membantu mengenal pasti jenis bakteria yang dikaji. Aplikasi ini menggunakan matriks kebarangkalian untuk tujuan pengenalpastian tersebut. Pangkalan data pula dibina merujuk kepada maklumat yang diperolehi dari *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* (Sandle & Lovatt, 2018) dan juga jurnal-jurnal saintifik yang berkaitan. Tujuan aplikasi ini dibina adalah untuk membangunkan aplikasi makmal yang kreatif, inovatif dan interaktif dalam usaha untuk mempermudah dan menjimatkan masa yang diperuntukkan untuk analisis pencirian bakteria di makmal.

PERMASALAHAN KAJIAN

Pengenalpastian bakteria secara manual melalui fenotip organisma dan analisis biokimia sering menjadi cabaran yang utama kepada pelajar dan ahli akademik kerana kaedah manual akan memakan masa yang agak lama. Selain itu, analisis secara manual ini lebih cenderung kepada maklumat yang tidak tepat apabila perlu menganalisa pelbagai data yang diperolehi daripada uji kaji morfologi dan fenotip, analisa pewarnaan Gram dan ujian biokimia. Selain itu, kaedah-kaedah tersebut hanya boleh digunakan untuk organisma yang boleh ditumbuhkan secara *in vitro* menggunakan media pertumbuhan bakteria. Di samping itu, kesusialan juga boleh terjadi apabila jenis bakteria

yang dikaji mempamerkan ciri-ciri biokimia yang unik dan berbeza yang mana tidak sesuai dengan pola serta ciri genus dan spesies tersebut.

Proses pengenalpastian bakteria ini juga kompleks kerana domain bakteria terlalu besar dan pelbagai. Dapatan dari penyelidikan ke atas bakteria telah mendapati bahawa anggaran bilangan spesies bakteria adalah sekitar 10,000 hingga lebih 1 bilion. Terdapat banyak jenis mikroorganisma yang telah diasingkan ke dalam kumpulan-kumpulan tertentu yang membawa ciri-ciri yang seakan sama. Keadaan seperti ini sudah tentu akan memakan masa yang lama untuk membuat pengesanan dan identifikasi spesies bakteria yang dikaji.

PERKOMPUTERAN MUDAH ALIH

Menurut Rouse (2017), pengkomputeran mudah alih adalah satu bentuk teknologi IT, produk, perkhidmatan, dan strategi operasi serta prosedur yang membolehkan pengguna akhir mendapatkan akses kepada teknologi, maklumat, sumber secara mudah alih. Mudah alih biasanya merujuk kepada kemudahan dalam mengakses dan tidak terhad kepada lokasi geografi yang tertentu.

Manakala, berdasarkan kepada Regaldio (2013), pengkomputeran mudah alih ini mempunyai keupayaan yang luas untuk menyebarkan sesuatu maklumat dengan lebih cepat jika dibandingkan dengan teknologi yang lain. Satu kajian yang dibuat di Amerika Syarikat, menunjukkan bahawa penggunaan telefon pintar telah mula menjangkau golongan teknophobia yang lebih dikenali sebagai golongan anti-teknologi. Melalui kajian tersebut juga, kini terdapat lebih dari separuh pengguna yang menggunakan telefon mudah alih telah beralih ke telefon pintar.

Soegaard dan Rikke (2013) menyatakan pengkomputeran mudah alih ini telah wujud selama lebih kurang tiga dekad yang lalu, namun masih dikategorikan sebagai bidang yang masih baharu diterokai. Sepanjang tempoh tersebut, ia telah berkembang dengan pesat terutamanya dari segi teknikal sehingga sekarang perkembangannya meliputi pelbagai bidang. Hasil dari perkembangan teknologi seperti ini telah membawa kepada perkembangan bidang-bidang yang lain seperti pengkomputeran mudah

alih, sains sosial, interaksi manusia-komputer, reka bentuk perindustrian dan sebagainya.

Oleh itu, perkomputeran mudah alih telah dipilih sebagai satu bentuk pendekatan dalam membangunkan aplikasi mudah alih BactFinder®. Ini kerana pengkomputeran mudah alih dikenali sebagai aplikasi peranti pengkomputeran yang kecil, mudah alih, dan tanpa wayar. Pembangunan aplikasi BactFinder® ini akan memfokuskan kepada pengguna, reka bentuk antara muka, keaslian, kualiti, aplikasi inovatif dan rangkaian sistem. Aplikasi ini juga memberikan tumpuan kepada aspek keselamatan maklumat pengguna di mana pengguna perlu mendaftar sebagai ahli sebelum mereka mendapat akses kepada aplikasi ini.

METODOLOGI

Pemilihan metodologi yang tepat untuk membangunkan aplikasi mudah alih BactFinder® adalah memainkan peranan yang penting bagi memastikan pembangunan aplikasi yang betul serta dapat berfungsi dengan baik. Terdapat pelbagai jenis metodologi yang boleh digunakan untuk pembinaan jenis aplikasi yang berbeza. Oleh itu, pemahaman konsep berkenaan *output* dan fungsi aplikasi yang ingin dibina adalah perlu dan sangat penting.

Dalam proses pembangunan aplikasi, keperluan seperti perisian dan perkakasan adalah keperluan yang paling penting untuk memastikan pembangunan sistem berfungsi dengan lancar tanpa sebarang gangguan dan masalah. Beberapa keperluan penting yang digunakan dalam pembinaan aplikasi mudah alih BactFinder® adalah seperti di bawah:

Hardware

Keperluan *hardware*/ perkakasan minimum yang diperlukan dalam pembangunan aplikasi ini adalah seperti berikut:

(a) Komputer/*Notebook*:

- Processor: Intel Core i5-5200U, 2.7GHz
- Memori: 4GB Ram
- Kapasiti: 1TB HDD
- Sistem operasi: *Windows 10 Home Single Language*

(b) Telefon pintar android:

- Digunakan untuk menjalankan, menyebarkan dan menguji aplikasi yang dibangunkan.
- Android version 5.1.1 atau versi terkini.

Perisian

Keperluan perisian projek ini adalah seperti berikut:

(a) Android Studio

Perisian Android Studio digunakan untuk pembangunan kod utama program selain menjalankan *debugs* dan menguji lari aplikasi yang dibentuk. Aplikasi ini menggunakan platform terbuka (pengguna tidak perlu membayar sebarang kos) disamping stabil untuk pembangunan aplikasi ini.

(b) *Xampp for Windows*

Perisian ini digunakan untuk menguruskan sambungan antara Apache dan MySQL. Metodologi ini memudahkan pemaju sesuatu perisian untuk membina local *web server* bagi tujuan pengujian dan penempatan perisian yang direka bentuk.

(c) MySQL

Perisian ini digunakan untuk membuat aplikasi pangkalan data sistem. Untuk pangkalan data bagi aplikasi ini, kami menggunakan domain cloud.myfik.net.

(d) Java,Php

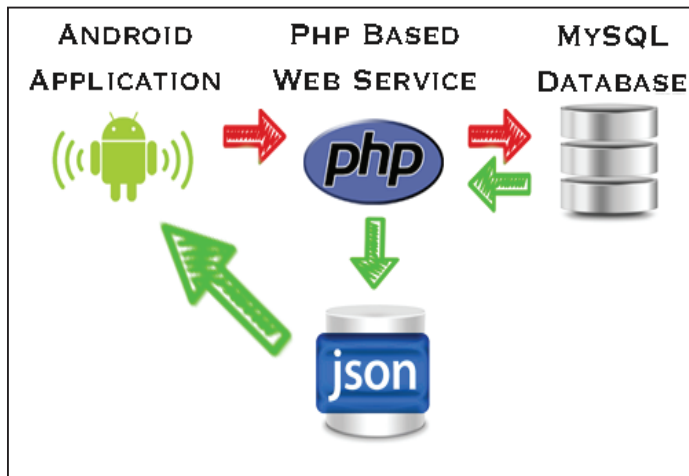
PHP digunakan sebagai skrip arahan baris (*programming language*) dan untuk aplikasi pengekodan. PHP merupakan bahasa pengekodan yang digunakan untuk membina laman web yang dinamik, tetapi ia juga boleh digunakan untuk membina sistem android dengan menggunakan PHP (Zend Technologies Ltd).

(e) *Microsoft Word 2013*

Digunakan untuk membuat dokumentasi pembinaan splikasi.

- (f) *Google Chrome*
Pelayar untuk menjalankan maklumat localhost dan mencari maklumat berkenaan projek.
- (g) *Notepad++*
Digunakan untuk menulis kod program, terutamanya sambungan aplikasi ke pangkalan data.
- (h) *Android - JSON Parser (JSON)*
JSON (*JavaScript Notation Object*) adalah format fail terbuka yang menggunakan teks yang boleh dibaca oleh manusia untuk menghantar dan menerima data dari pangkalan data.

Pertalian dan hubungan antara *Android Studio*, MySQL, PHP dan JSON adalah seperti Rajah 1. Perisian *Android Studio* digunakan untuk pembangunan kod utama program dan untuk menguji lari aplikasi yang dibentuk. Manakala Php pula adalah skrip arahan baris (*programming language*) yang digunakan untuk membina laman web yang dinamik. MySQL pula merujuk kepada pengkalan data yang dibina bagi menyimpan data dan maklumat bakteria. Manakala, JSON adalah satu sistem terbuka yang menggunakan teks yang boleh dibaca oleh pengguna/pembina aplikasi untuk tujuan menerima dan menghantar maklumat ke pangkalan data (*server*).

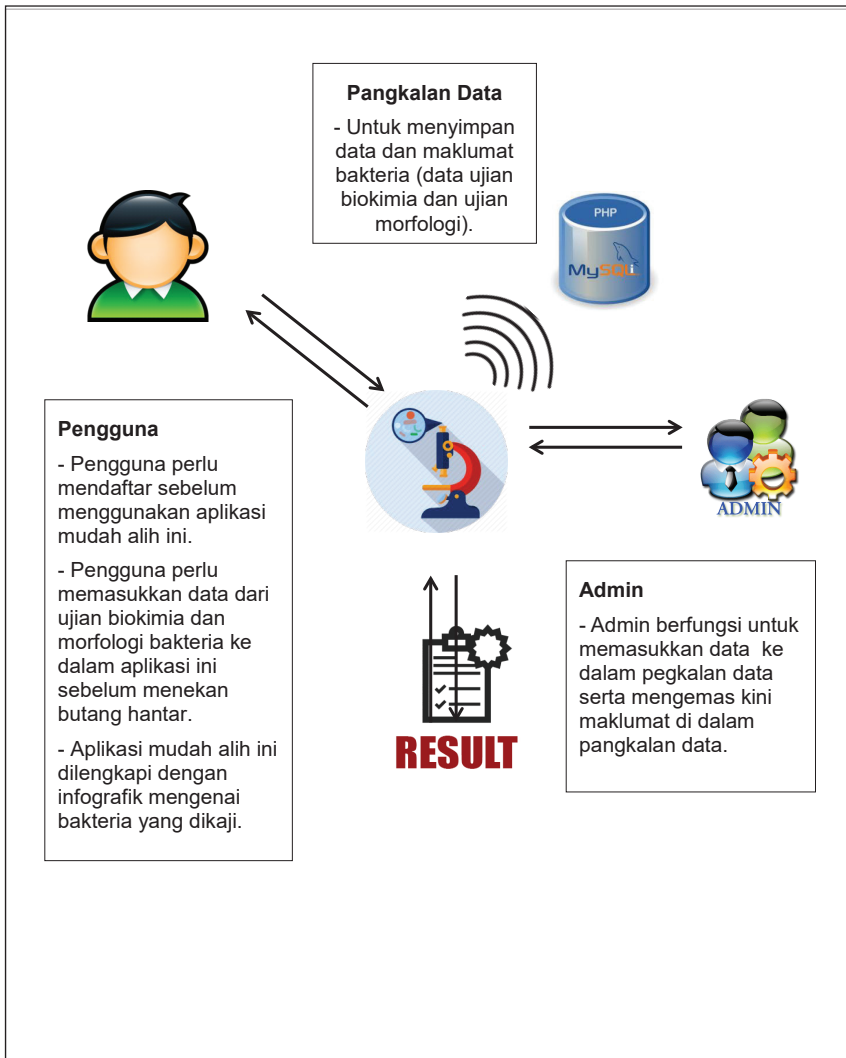


Rajah 1: Pertalian dan interaksi di antara Android Studio, MySQL, PHP dan JSON

PROSES PENGENDALIAN APLIKASI BACTFINDER®

Rajah 2 menunjukkan carta alir proses utama bagi aplikasi BactFinder®. Terdapat dua entiti yang terlibat iaitu Pengguna dan *Admin*. Peranan *Admin* adalah untuk menguruskan data berkenaan bakteria. Dengan pengkalan data ini, *Admin* boleh mengemaskini atau memadamkan maklumat bakteria yang dimasukkan ke dalam pengkalan data. Untuk tujuan tersebut, *Admin* perlu untuk log masuk aplikasi ini terlebih dahulu untuk menggunakan dan memasukkan data ke aplikasi tersebut.

Manakala, untuk laman Pengguna pula, aplikasi ini boleh di akses selepas Pengguna log masuk aplikasi tersebut dengan memasukkan kata laluan yang telah direka. Apabila berada di Laman Utama, Pengguna perlu memasukkan hasil daripada ujian morfologi dan ujian biokimia yang telah dijalankan di makmal terlebih terdahulu. Kemudian, aplikasi BactFinder® akan merujuk dan membandingkan maklumat yang telah dimasukkan dengan pengkalan data yang dibina untuk tujuan mengenalpasti nama dan jenis bakteria yang dikaji. Maklumat latar belakang bakteria, imej mikroskop dan ringkasan hasil ujian yang telah dijalankan akan di pamirkan bersama-sama bagi memudahkan maklumat ini diekstrak dan dilihat oleh Pengguna.



Rajah 2: Carta alir pembinaan aplikasi Bactfinder®

PENDAFTARAN HARTA INTELEK

Aplikasi mudah alih BactFinder[®] ini telah didaftarkan di Perbadanan Harta Intelek Malaysia pada 26 April 2018. Nombor pendaftaran Hak Cipta ialah LY2018001859.

CIRI-CIRI APLIKASI BACTFINDER[®]

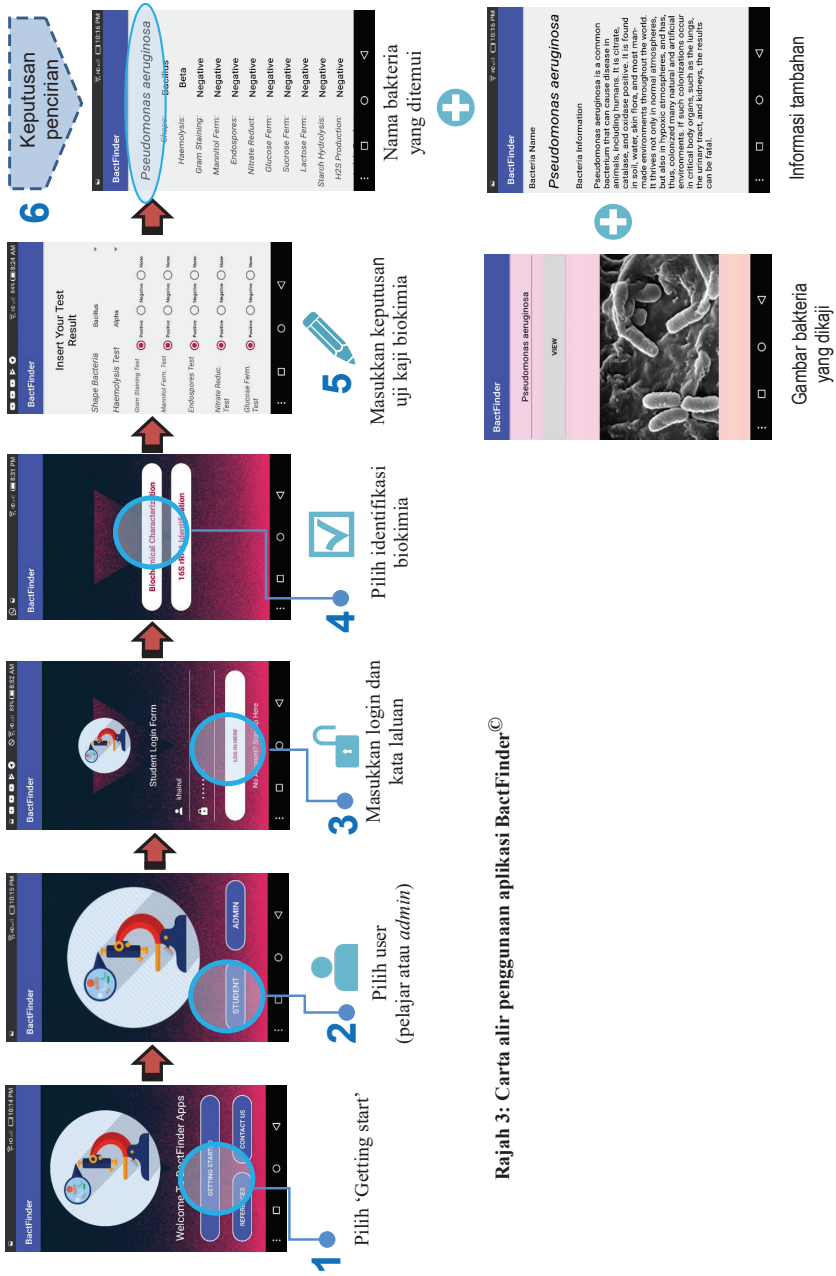
Aplikasi mudah alih ini dibina berdasarkan pencirian daripada hasil ujian biokimia dan morfologi bakteria. Walau bagaimanapun, pencirian berdasarkan genotip (pengenalan 16S rRNA) masih dalam fasa kedua pembinaan yang akan dimuat naik ke dalam sistem pada masa akan datang. Namun begitu, aplikasi mudah alih ini dilengkapi dengan 19 jenis ujian biokimia dan ujian morfologi bakteria. Rajah 3 merujuk carta alir penggunaan aplikasi mudah alih BactFinder[®]. Manakala, senarai ujian biokimia yang terkandung di dalam aplikasi ini adalah seperti berikut:

- Morfologi koloni
- Pewarnaan Gram
- Hemolisis
- Fermentasi Manitol
- Endospora
- Penurunan Nitrat
- Fermentasi Glukosa
- Fermentasi Laktosa
- Fermentasi Sukrosa
- Hidrolisis Kanji
- Penghasilan H₂S
- Pembentukan Indol
- Motiliti
- Urea
- Penggunaan Sitrat
- Metil Merah
- Voges proskauer
- Gelatin
- Oksidase
- Catalase

PRINSIP PENGENALPASTIAN BAKTERIA

Identifikasi bakteria adalah langkah pertama dalam menentukan etiologi bakteria penyebab penyakit (Donelli *et al.*, 2013; Malcolm & Bush, 2014). Ia termasuklah prosedur dan teknik untuk mengenal pasti patogen bakteria yang menyebabkan penyakit tertentu dengan betul. Ahli kaji bakteria telah menggunakan pelbagai teknik, berdasarkan ciri-ciri bakteria tertentu yang diketahui. Pengenalpastian bakteria ini memerlukan pengetahuan ciri-ciri morfologi, biokimia, fisiologi dan genetik mereka (Emerson *et al.*, 2008; Donelli *et al.*, 2013; Li *et al.*, 2016). Secara kolektifnya, ciri-ciri ini dikumpulkan sebagai ciri fenotip dan ciri genotip (Donelli *et al.*, 2013). Ciri-ciri fenotipik dikenal pasti sebagai ciri-ciri yang terdapat pada sifat sesuatu organisma seperti bentuk, saiz, sifat pewarnaan serta tindak balas dalam ujian biokimia (Gill A., 2017). Ini adalah sifat yang boleh diukur tanpa merujuk kepada genetik bakteria. Kriteria fenotipik adalah berdasarkan ciri-ciri fizikal atau metabolik bakteria yang dapat dilihat (Janda & Abbott., 2002; Ernebjerg *et al.*, 2011; Ojha *et al.*, 2017). Pengenalpastian genotip pula menggunakan teknik molekul biologi untuk mengenal pasti bakteria melalui analisis DNA atau RNA genom bakteria tersebut (Yildirim *et al.*, 2011). Ini biasanya melibatkan pengesanan kehadiran gen atau sebahagian daripada produk RNA yang khusus dan spesifik kepada organisma tersebut (Buszewski *et al.*, 2017). Kebanyakan kaedah pengenalan bakteria konvensional adalah berdasarkan ciri-ciri fenotip bakteria. Mereka boleh dikelaskan seperti di bawah menurut Li *et al.* (2016):

- Pengenalpastian melalui pertumbuhan bakteria.
- Identifikasi bakteria berdasarkan keupayaan enzimatik.
- Ujian melalui laluan metabolik bakteria.



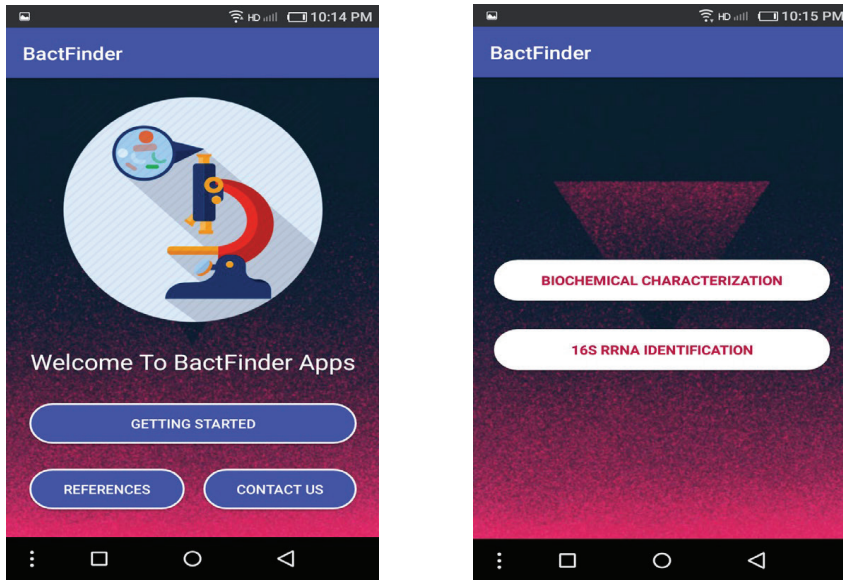
Rajah 3: Carta alir penggunaan aplikasi BactFinder[©]

IMPAK PENGGUNAAN APLIKASI MUDAH ALIH BACTFINDER®

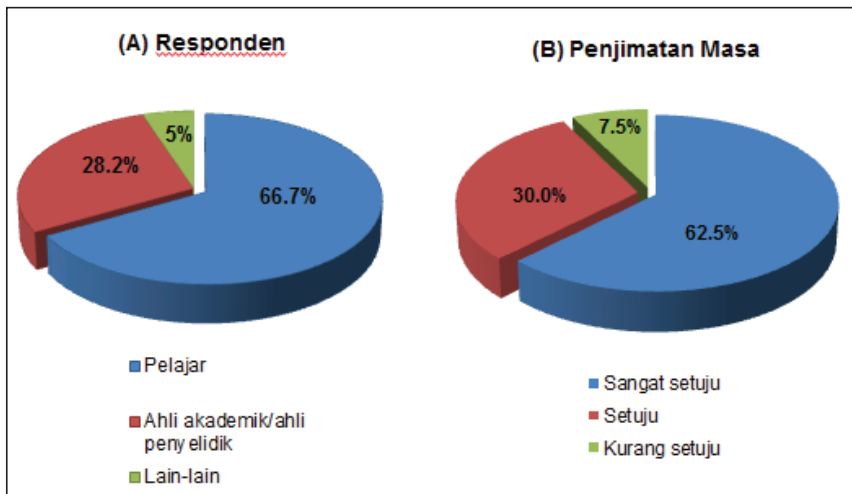
BactFinder® adalah aplikasi android berinovatif yang boleh diakses melalui telefon pintar dan komputer peribadi (Rajah 4). Ketersediaan aplikasi ini dibina untuk kedua-dua pendekatan ini memudahkan pengguna untuk mencapai dan menggunakan aplikasi ini dengan lebih mesra pengguna dan di mana-mana sahaja. Kelebihan ini tidak memperuntukkan seseorang pengguna itu berada di sesuatu tempat atau hanya di dalam makmal. Ia dibina terbuka untuk kegunaan ahli akademik, pelajar dan penyelidik. Inovasi mudah alih ini menyediakan maklumat pangkalan data bakteria berdasarkan ujian biokimia dan morfologi bakteria. Keputusan pengenalpastian bakteria yang diperolehi melalui penggunaan aplikasi mudah alih ini adalah bertujuan untuk memberikan maklumat awal dan tepat kepada pengguna sebelum tindakan atau langkah seterusnya diambil di makmal. Namun begitu, pangkalan data ini perlu dikemas kini dari semasa ke semasa selari dengan perubahan taksonomi dan peredaran evolusi bakteria yang berlaku (Dariencko *et al.*, 2016) .

Kaedah tradisional dalam pengenalpastian bakteria bergantung kepada pengenalpastian fenotip dari organisma dengan menggunakan kaedah pewarnaan Gram, kultur bakteria dan biokimia. Walau bagaimanapun, kaedah pengenalpastian bakteria ini mempunyai dua kekurangan utama (1) memakan masa yang lama dan (2) rumitkan. Penyelidik perlu membuat rujukan secara manual ke atas buku-buku rujukan dan jurnal-jurnal saintifik yang banyak untuk mengenal pasti ketepatan identifikasi sesuatu jenis bakteria tertentu. Dengan adanya pembinaan aplikasi mudah alih ini, tempoh masa yang diperlukan setelah maklumat dimasukkan ke dalam sistem adalah selama ± 2 saat sahaja. Ini bermakna dalam masa ± 2 saat, pengguna dapat mengetahui jenis bakteria yang sedang dikaji tanpa perlu merujuk kepada buku-buku rujukan atau jurnal-jurnal saintifik yang lain. Ini sudah tentu menjimatkan masa sesuatu kajian/analisis yang sedang dikaji secara keseluruhannya. Merujuk kepada kaji selidik kepenggunaan (Rajah 5) yang telah dijalankan ke atas responden, sebanyak 63% responden sangat bersetuju bahawa penggunaan aplikasi ini dapat menjimatkan masa manakala hanya 7.5% sahaja yang kurang bersetuju. Kaji selidik yang dijalankan ini adalah dibuat ke atas pelajar (67%), ahli akademik/ahli penyelidik (28%) dan lain-lain (5%). Sehingga kini, tiada

lagi inovasi seperti ini dibina atau dikomersialkan di Malaysia. Oleh itu, BactFinder[®] mempunyai peluang yang sangat baik untuk diketengahkan serta dikomersialkan.



Rajah 4: *Interface* yang dibina untuk aplikasi BactFinder[®]



Rajah 5: Data dari *survey* kepenggunaan aplikasi BactFinder[®]

RUMUSAN

BactFinder® merupakan sebuah aplikasi mudah alih yang inovatif direka bentuk untuk keperluan dan kemudahan analisis pengenalan bakteria di makmal. Aplikasi ini adalah mesra pengguna dengan teknologi inovatif untuk memudahkan analisis serta ramalan cepat (± 2 saat) dan tepat dalam membantu pengenalpastian bakteria di makmal. Aplikasi interaktif ini juga mempunyai potensi besar untuk dikomersialkan kerana sasaran penggunaannya yang luas (pelajar prasiswazah, pelajar pascasiswazah, ahli akademik, ahli mikrobiologi dan penyelidik dalam bidang bioteknologi). Sehingga kini, tiada lagi aplikasi mudah alih sebegini telah dikomersialkan di Malaysia.

PENGHARGAAN

Ucapan penghargaan kami kepada Universiti Sultan Zainal Abidin (UniSZA) dan Kementerian Pendidikan Malaysia (KPM) di atas sokongan dan peluang yang diberikan dalam proses pembinaan aplikasi mudah alih ini. Pembinaan aplikasi ini dibina dengan sebahagian peruntukan daripada dana penyelidikan universiti (UniSZA/2017/DPU/08).

PRA-SYARAT

1. Minggu Penyelidikan dan Inovasi (MPI 2018): Pingat Gangsa
2. UniSZA Carnival on e-Learning 2018 (UniCeL 2018): Pingat Emas
3. International University Carnival on E-Learning 2018 (IUCEL 2018): Pingat Perak

RUJUKAN

- Bernhard, A.E. & Kelly, J.J. (2016). Linking Ecosystems Function to Microbial Diversity. *Frontiers in Microbiology*, 7: 1-2.
- Buszewski, B., Rogowska, A., Pomastowski, P., Zloch, M. & Plugaru, V.R. (2017). Identification of Microorganisms by Modern Analytical Techniques. *Journal of AOAC International*, 100(6): 1-14.
- Darienko, T., Gustavs, L. & Pröschold, T. (2016). Species concept and nomenclatural changes within the genera *Elliptochloris* and *Pseudochlorella* (Trebouxiophyceae) based on an integrative approach. *Journal of Phycology*, 52(6): 1125-1145.
- Dai, T., Zhang, Y., Tang, Y., Bai, Y., Tao, Y., Huang, B. & Wen, D. (2016). Identifying the key taxonomic categories that characterize microbial community diversity using full-scala classification: a case study of microbial communities in the sediments of Hangzhou Bay. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(10): 1-11.
- Donelli, G., Vuotto, C. & Mastromarino, P. (2013). Phenotyping and genotyping are both essential to identify and classify a probiotic microorganism. *Microbial Ecology in Health Disease*, 24: 2-8.
- Emerson, D., Agulto, J., Liu, H., & Liu, L. (2008). Identifying and Characterizing Bacteria in an Era of Genomics and Proteomics. *BioScience*, 58(10): 925-936.
- Ernebjerg, M., & Kishony, R. (2011). Distinct Growth Strategies of Soil Bacteria as Revealed by Large-Scale Colony Tracking. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(5): 1345–1352.
- Gibbons, S.M. & Gilbert, J.A. (2015) Microbial diversity- Exploration of Natural Ecosystems and Microbiomes. *Current Opinion in Genetics & Development*, 35: 66-72.

- Gill, A. (2017). The Importance of Bacterial Culture to Food Microbiology in the Age of Genomics. *Frontiers in Microbiology*, 8 (777): 1-6.
- Holt, J.G. (1984). *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* (Vol 1). 4th Edition. Williams & Wilkins. Baltimore, MD.
- Holt, J.G. (1999) *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*. 9th Edition. Williams & Wilkins. Baltimore, MD.
- Janda, J.M., & Abbott, S.L. (2002). Bacterial Identification for Publication: When Is Enough Enough?. *Journal of Clinical Microbiology*, 40(6): 1887–1891.
- Karimi, B., Maron, P.A., Prevost Bourne, N.C., Bernard, N., Gilbert, D., & Ranjard, L. (2017). Microbial Diversity And Ecological Networks As Indicators Of Environment Quality. *Environmental Chemistry Letters*, 10.1007/s10311-017-0614-6.
- Kootallur, B.N., Tangavelu, C.P., & Mani, M. (2011). Bacterial identification in the diagnostic laboratory: How much is enough?. *Indian Journal of Medical Microbiology*, 29(4): 336-340.
- Li, Q., Chen, X., Jiang, Y., & Jiang, C. (2016). Cultural, Physiological, and Biochemical Identification of Actinobacteria. *Actinobacteria - Basics and Biotechnological Applications. InTech Open*, 87-111.
- Malcom, G.P. & Bush, K. (2014). Discovery and development of new antibacterial agents targeting Gram-negative bacteria in the era of pandrug resistance: is the future promising?. *Current Opinion in Pharmacology*, 18: 91-97.
- Regalado, A. (March 1, 2013). Mobile Computing Is Just Getting Started-<https://www.technologyreview.com/s/511766/mobile-computing-is-just-getting-started/>
- Rouse, M. (2017). Mobile computing (nomadic computing) <https://searchmobilecomputing.techtarget.com/definition/nomadic-computing>

- Ojha, K. S., Burgess, C. M., Duffy, G., Kerry, J. P., & Tiwari, B. K. (2018). Integrated phenotypic-genotypic approach to understand the influence of ultrasound on metabolic response of *Lactobacillus sakei*. *PLOS ONE*, *13*(1): 1-20.
- Sandle, T., & Lovatt, A. (2018). Guide to Bacterial Identification. Pharmig, Hertfordshire, United Kingdom.
- Sarethy, I.P., Pan, S. & Danquah, M.K. (2014). Modern Taxonomy for Microbial Diversity. In: Biodiversity- The Dynamic Balance of the Planet. InTech.
- Soegaard, M., & Rikke, F.D. (2013). The Encyclopedia of Human-Computer Interaction, 2nd Ed. Interactive Design Foundation.
- Vitorino, L.C. & Bessa, L.A. (2018). Microbial Diversity: The Gapbetween the Estimated and the Known. *Diversity*, *10*(46): 1-29.
- Yildirim, I. H., Yildirim, S.C & Kocak, N. (2011). Molecular methods for bacterial genotyping and analyzed gene regions. *Journal of Microbiology and Infectious Diseases*, *1*(1): 42-46.