

PERAN SISTEMATIKA MIKROBIA DALAM MENGUNGKAP KEANEKARAGAMAN MIKROORGANISME

Idramsa^{*)}

ABSTRACT

Diversity of bacteria and archaea can not be learned completely yet not identified perfectly. This is due to the abundant amount of diversity of microorganisms. The existence of molecular technologies allow to identify quickly and accurately the organism. Classification approach is based on the value of character and phylogenetic fenetik make a meaningful classification of microorganisms. Microbes such as bacteria systematic approach should be based on systematic polyfasik.

Kata Kunci : *Klasifikasi, fenetik, filogenetik, sistematika mikrobial*

Pendahuluan

Hampir 7000 spesies bakteri dan Archaea telah dikenal para ilmuwan dan ribuan lainnya sekitar 100.000 – 1.000.000 diperkirakan belum teridentifikasi (Madigan, et al 2009). Untuk mengungkap keanekaragaman mikrobial diperlukan suatu perangkat pengetahuan. Sistematika organisme memiliki peranan penting dalam mempelajari keanekaragaman organisme. Menurut definisinya, sistematika merupakan sebuah ilmu yang mempelajari keanekaragaman makhluk hidup serta hubungan kekerabatan antar sesamanya. Gravendee, (2000) mengatakan bahwa secara fundamental, sistematika bertujuan untuk memahami dan mendiskripsikan keanekaragaman suatu organisme selanjutnya merekonstruksi hubungan kekerabatan dengan organisme lainnya dalam satu kelompok. Atlas dan Bartha, (1997) menyatakan bahwa studi mengenai keanekaragaman mikrobial serta hubungan antar mikrobial baik hubungan similaritas (fenetik) maupun hubungan kekerabatan (filogenetik) dikenal dengan istilah sistematika mikrobial. Tujuan utama

sistematika adalah membuat suatu klasifikasi biologis yang mencerminkan sejarah evolusi atau filogeni (Bauman, 2010).

Dalam sistematika ada tiga bidang kajian yang dilakukan yaitu, klasifikasi, identifikasi dan tatanama (*nomenclature*). Klasifikasi adalah praktek taksonomi yaitu proses penataan organisme ke dalam suatu kelompok (takson) berdasarkan hubungan kemiripan. Identifikasi merupakan proses dan hasil penentuan apakah suatu organisme yang belum dikenal merupakan anggota kelompok yang sudah dikenal sebelumnya atau merupakan suatu spesies baru. Sedangkan tatanama merupakan proses atau tata cara pemberian nama ilmiah pada organisme berdasarkan aturan dalam kode internasional tatanama. Untuk mikrobial diatur dalam Kode Internasional Tatanama Bakteri atau *International Code Bacteriology Nomenclature* (ICBN).

Pendekatan Sistem Klasifikasi

Hingga saat ini ada dua pendekatan untuk menyusun klasifikasi dari sebuah kelompok organisme biologi,

^{*)} Idramsa, M.Si. : Staf Pengajar Jurs. Biologi FMIPA UNIMED

yaitu sistem klasifikasi fenetik dan sistem klasifikasi filogenetik. Sistem klasifikasi fenetik merupakan suatu sistem klasifikasi dimana menaksir hubungan berdasarkan kepemilikan karakter yang sama dari anggota-anggota suatu kelompok. Sedangkan sistem klasifikasi filogenetik (kladistik) didasarkan pada sebuah hubungan perjalanan evolusi karakter dari setiap anggota suatu kelompok yang sedang dipelajari.

Sistem klasifikasi fenetik

Dalam jangka waktu yang cukup lama, para ahli taksonomi mikroba bergantung pada suatu sistem klasifikasi fenetik. Sistem klasifikasi ini berhasil membuat keteraturan keanekaragaman organisme dan kejelasan fungsi dari struktur morfologi (Madigan, et al. 2009). Meskipun pada klasifikasi fenetik dapat menunjukkan adanya kemungkinan hubungan evolusi, tetapi hasil yang diinginkan tidak tergantung pada analisis filogenetik. Klasifikasi fenetik membandingkan sebanyak-banyaknya sifat tanpa menduga setiap ciri yang khas secara filogenetik lebih penting dari lainnya. Sifat-sifat dengan bobot yang sama digunakan dalam mengestimasi similaritas secara umum. Klasifikasi fenetik yang terbaik adalah dengan membandingkan sebanyak mungkin ciri fenotip. Organisme memiliki banyak kesamaan ciri-ciri dibuat menjadi sebuah kelompok atau takson (Prescott, 2008).

Sistem klasifikasi filogenetik

Filogenetik adalah studi yang mempelajari hubungan kekerabatan suatu kelompok organisme berdasarkan hubungan evolusioner antara kesatuan biologis. Ide dasarnya adalah untuk membandingkan karakter khusus dari spesies dengan asumsi spesies yang sama

(yaitu, spesies dengan karakter yang sama) memiliki kedekatan genetik. Filogeni disajikan dalam bentuk pohon filogenetik untuk menggambarkan hubungan antar organisme. Filogeni klasik menggunakan karakter fisik atau morfologi seperti bentuk koloni, warna koloni, dan sebagainya. Filogeni modern menggunakan sumber informasi yang diambil dari materi genetik terutama DNA dan urutan protein (Cleenwerck, 2008).

Pemikiran dasar penggunaan sekuen DNA dalam studi filogenetika adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga akan dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan akan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antara satu kelompok organisme dengan yang lainnya. Beberapa alasan penggunaan sekuen DNA (Hillis et al. 1996), yaitu (1) DNA merupakan unit dasar informasi yang mengkode organisme, (2) lebih memudahkan dalam mengekstrak dan menggabungkan informasi mengenai proses evolusi suatu kelompok organisme, sehingga mudah untuk dianalisis, (3) memudahkan dalam pembuatan model dari peristiwa evolusi secara komparatif, dan (4) menghasilkan informasi yang banyak dan beragam, dengan demikian akan ada banyak bukti tentang keberadaan suatu hubungan filogenetik. Pohon filogenetik adalah genealogi atau silsilah kemungkinan hubungan evolusioner diantara kelompok-kelompok taksonomi. Pohon filogenetik berupa diagram percabangan atau pohon yang menunjukkan hubungan evolusi berbagai spesies makhluk hidup berdasarkan kemiripan dan perbedaan karakteristik fisik dan genetika mereka (Vernon, 2001).

Bidang Kajian Sistematik

Klasifikasi

Klasifikasi merupakan praktek taksonomi, yaitu proses penataan organisme ke dalam suatu kelompok (takson) berdasarkan hubungan kemiripan. Klasifikasi mikroba dapat dilakukan dengan berbagai pendekatan. Schleifer (2009) menyatakan bahwa pendekatan fenotipik, yaitu pendekatan yang didasarkan pada kesamaan sifat morfologi, fisiologi dan kemotaksonomi. Hal ini sangat berguna untuk identifikasi, tetapi hanya memberikan informasi yang terbatas hanya pada hubungan filogenetik. Sedangkan pendekatan genotipik, adalah pendekatan yang didasarkan pada kekerabatan genetik. Integrasi dari karakteristik fenotip dan genotif memberikan suatu pengaruh yang sangat besar dalam klasifikasi dan tatanama mikrobial pada saat ini dan akan berlangsung terus pada masa mendatang. Pendekatan ini memberikan informasi tentang keterkaitan filogenetik mikroorganisme

Identifikasi

Identifikasi organisme merupakan bagian penting dari taksonomi, karena memungkinkan para ilmuwan untuk mengkomunikasikan secara efektif dan memberikan rasa keyakinan bahwa mereka sedang membahas organism yang sama. Identifikasi sendiri adalah suatu proses dan penentuan hasil apakah suatu organism yang belum diketahui atau dikenal merupakan kelompok yang sudah diketahui sebelumnya atau belum. Untuk melakukan identifikasi terhadap mikrobial dapat menggunakan dengan berbagai macam karakter yang dibutuhkan. Seperti yang dilakukan Klein et al, (1998) untuk mengidentifikasi bakteri asam laktat

dengan menggunakan karakter fenotif dan genotif.

Karakteristik klasik

Pendekatan klasik untuk melakukan identifikasi menggunakan karakter-karakter morfologi, fisiologi, dan biokimia. Karakter klasik ini digunakan selama bertahun-tahun dalam melakukan identifikasi bakteri. Metode klasik yang digunakan untuk mengidentifikasi sebanyak 200 Actinomycetes seperti yang dilakukan oleh Nonomura (1974) dengan menggunakan *Bergey's Manual of Bacteriology* (Buchanan & Gibbons, 1974). Karakteristik ini telah umum digunakan dalam taksonomi secara terus-menerus dalam jangka waktu lama.

Karakteristik molekuler

Kegagalan dalam identifikasi dapat terjadi disebabkan oleh karena belum terbangunnya parameter-parameter atau kaidah-kaidah baku untuk diterapkan dalam mengidentifikasi suatu mikroba. Permasalahan ini sering menimbulkan kerancuan dalam mengidentifikasi jenis mikroba, bahkan sering terjadi tumpang tindih karakter suatu mikroba, atau sebaliknya suatu jenis mikroba memiliki beberapa nama ilmiah sehingga banyak terjadi revisi-revisi yang harus dilakukan.

Pada saat sekarang ini, sangat tidak mungkin bagi kita untuk mengabaikan peran analisis DNA sebagai salah satu alat yang sangat bermanfaat dalam mengidentifikasi mikroba. Perkembangan instrumentasi untuk menganalisis DNA sekuens dan berbagai perangkat lunak untuk mengolah data DNA serta telah semakin berkembangnya DNA sekuens yang dapat diakses secara bebas pada DNA data. Dengan demikian, telah terjadi pergeseran dalam teknik mengidentifikasi mikroba dari

konvensional ke teknik biologi molekuler terutama analisis ribosomal RNA (rRNA) gen. Pada saat ini seseorang dapat melakukan identifikasi organisme sampai tingkat genus melalui pendekatan analisis rRNA dan analisis filogenetik yang tidak terlalu susah untuk dipahami oleh siapa pun.

Tatanama

Tatanama merupakan bagian dari sistematika mikroba yang mengkaji masalah penamaan. Penamaan terhadap suatu spesies mikroba dapat diperoleh dari hasil akhir identifikasi. Dalam sistematik, pemberian nama yang dimaksud adalah pemberian nama ilmiah (*scientific name*) kepada suatu mikroba berdasarkan aturan-aturan yang telah diatur dalam sebuah kode tatanama internasional untuk bakteri atau ICBN (*The International Code of Bacterial Nomenclature*). Nama-nama spesies mikroba dapat dibuat berasal dari beberapa sumber yaitu 1) deskripsi, seperti *Staphylococcus aureus* yang artinya bentuk seperti buah anggur, dan berwarna keemasan, 2) nama-nama ilmunan, *Escherichia coli* (Theodor Escherich), 3) daerah geografi seperti *Mycobacterium genavense* (Geneva, Switzerland), dan 4) komunitas atau suatu organisasi yaitu seperti *Cedecea* spp. (*Centers for Disease Control*).

Nama spesies harus mengacu pada prinsip dan pedoman tata nama masing-masing organisme (pada bakteri harus mengikuti ICBN). Nama ilmiah harus berbahasa latin atau yang dilatinkan. Nama spesies dan takson di atasnya harus ditentukan berdasarkan tiga kategori, yaitu publikasi valid, legitimasi dan prioritas publikasi. Sejak tahun 1976, publikasi dikatakan valid pada *International Journal of Systematic Bacteriology* (IJSB) atau *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM)

Publikasi nama dalam jurnal harus dimulai dengan sebuah deskripsi dari takson atau merujuk kepada publikasi efektif sebelumnya dari deskripsi takson (Dworkin *et al*, 2006). Publikasi valid (shahih) terhadap usulan spesies harus berisi nama spesies, deskripsi spesies, penentuan tipe strain dan harus dipublikasi. Setelah diusulkan, nama spesies dikoreksi secara formal. Koreksi dimulai dengan publikasi permintaan opini kepada *Judicium Commission of the International Association of Microbiological Societies* yang merupakan bagian dari IJSB. Jadi legalitas nama spesies tergantung pada diterimanya nama tersebut secara umum oleh ilmuan di seluruh dunia.

Pemberian nama harus sesuai dengan bunyinya peraturan. Prioritas publikasi. setiap takson yang berada diatas spesies dapat memiliki hanya satu nama yang benar, yang sesuai dengan peraturan ICBN. Nama spesies adalah kombinasi biner yang terdiri dari nama genus dan penunjuk spesies. Publikasi efektif. bila merupakan distribusi barang cetakan (melalui penjualan, tukar-menukar, atau pemberian) kepada komunitas ilmiah.

Dalam taksonomi, setiap kelompok taksonomi dari kategori yang manapun disebut takson. Dari sederetan takson yang bertingkat-tingkat itu dijadikan unit dasar adalah kategori spesies. Tingkat-tingkat takson (kategori) berturut-turut dari atas kebawah disebut dengan istilah: divisi, kelas, subkelas, ordo, subordo, famili, subfamili, rumpun, subrumpu, genus, subgenus spesies, subspecies. Namun subkategori seperti subordo, dan subfamili, atau kategori rumpun jarang digunakan (Dworkin *et al*, 2006).

Pada takson infrasubspesifik suatu strain yang memperlihatkan kesamaan sifat dalam perlakuan sebagai suatu kelompok taksonomi yang sama dapat digunakan

istilah-istilah yang merujuk kepada keanekaragaman taksa dibawah tingkat subspecies. Istilah-istilah yang umum digunakan mengandung akhiran *-type*, *-var*, atau *-form*, seperti biovar (biotipe, tipe fisiologi), *chemoform* (tipe kimia), dan *morphotype* (Dworkin *et al*, 2006).

Polifasik Sistematika

Secara praktis, pendekatan sistematika mikroba seperti bakteri sebaiknya didasarkan pada polifasik sistematik. Langkah pertama dengan mengelompokkan karakter fenotif dari strain-strain berdasarkan morfologi, biokimia dan karakter lainnya. Kelompok fenotif kemudian diuji kemiripan DNA untuk menentukan apakah fenotif mencerminkan homogenitas atau heterogenitas. Pendekatan standar polifasik taksonomi pada bakteri melibatkan konstruksi filogenetik atau evolusi berdasarkan informasi sekuen gen 16S rRNA yang digunakan sebagai dasar untuk klasifikasi dan validasi dengan mengamati banyak karakter fenotifik (karakter fisiologi dan biokimia), genotifik (*G + C content*, *DNA-DNA similarity* dan *DNA-rRNA similarity*) dan kemotaksonomi (seperti, *cellular fatty acids*) (Beattie, 2007).

Karakter morfologi seperti pewarnaan mampu memberikan informasi awal terhadap karakter morfologi sel bakteri. Dari teknik ini diperoleh karakter morfologi sebagai berikut. Reaksi sel terhadap pewarnaan Gram dan *Acid-fast*, motilitas, susunan flagela, ada tidaknya spora dan kapsul, dan bentuk sel. Informasi ini dapat mengidentifikasi bakteri sampai tingkat genus. Disamping itu Karakter koloni dan pigmentasi dapat memberi informasi

Karakter pertumbuhan meliputi ketergantungan terhadap oksigen (aerob,

anaerob, atau mikroaerofil), pH, suhu, kebutuhan nutrien, dan resistensi antibiotik. Sebagai contoh *Campylobacter jejuni* tumbuh baik pada suhu 24 °C dengan adanya antibiotik. Sedangkan *Yersinia enterocolitica* tumbuh lebih baik daripada bakteri lain pada suhu 4 °C. *Leginella*, *Haemophilus*, dan beberapa bakteri patogen lainnya memerlukan faktor pertumbuhan spesifik, sementara itu *E. coli* dan bakteri enterik dapat tumbuh di media minimal.

Antigen dinding sel, flagela, dan kapsula biasanya digunakan untuk mengklasifikasi organisme pada tingkat spesies. Serotipe terkadang digunakan untuk membedakan galur dalam kepentingan medis. Fag tipe (sensitivitas isolat terhadap bakteriofag) telah digunakan untuk memantau epidemiologi penyakit yang disebabkan *Staphylococcus aureus*, *P. Aureginosa*, *V. cholerae* dan *S. thyi*. Sensitivitas terhadap bakteriosin juga dipakai sebagai penanda strain epidemiologi.

Sebagian besar bakteri diidentifikasi dan diklasifikasi berdasarkan reaksi terhadap serangkaian pengujian biokimia. Beberapa metode pengujian (uji oksidase, reduksi nitrat, degradasi amino, dan fermentasi karbohidrat) rutin dilakukan terhadap sebagian besar bakteri. Beberapa bakteri dilakukan pengujian khusus seperti uji koagulase untuk *Staphylococcus*, uji *pyrrolidonyl arylamidase* untuk bakteri kokus gram positif. Jenis-jenis pengujian untuk identifikasi bervariasi tergantung kelompok dan spesies bakteri.

Kesimpulan

Keanekaragaman mikroba yang ada dimuka bumi ini dapat diketahui dan dipelajari berkat adanya ilmu sistematika. Tujuan utama dari sistematika adalah untuk membuat suatu klasifikasi biologis

yang mencerminkan sejarah evolusi (filogeni).

Ada dua sistem pendekatan dalam klasifikasi organisme, yaitu 1) pendekatan fenetik, pengelompokan organisme didasarkan atas kesamaan karakter yang dimiliki dan 2) pendekatan filogenetik yaitu pengelompokan organisme didasarkan atas hubungan evolusioner.

Karakter-karakter utama yang digunakan dalam taksonomi meliputi karakter klasik yang terdiri dari, karakter morfologi, fisiologi dan metabolik, ekologi dan analisis genetik. Untuk karakter molekular didekati dengan perbandingan protein, komposisi asam basa nukleat, hibridasi asam nukleat dan penentuan urutan asam nukleat.

Daftar Pustaka.

- Cleenwerck Ilse, dan Paul De Vos, Polyphasic taxonomy of acetic acid bacteria: An overview of the currently applied methodology, *International Journal of Food Microbiology* 125 (2008) 2-14.
- Dworkin, M., Stanley F., Eugene R., Karl-Heinz S., Erko S., 2006. *The Prokaryotes*, 3thd Ed, Vol 1 Springer, Singapore.
- Gyllenberg, M., Timo K. Bayesian predictiveness, exchangeability and sufficientness in bacterial taxonomy. *Mathematical Bioscience*, 177&178 (2002) 161-184.
- Hillis, D.M., C. Moritz, and B.K. Mable, 1996, *Molecular Systematic*. 2nd Ed, Sinauer Associates, Massachusetts.
- Madigan et al. 2009. *Biology of Microorganisms*. Twelfth Edition. Benjamin Cummings. Singapore
- Priest F dan Austin B. 1993. *Modern bacterial Taxonomy*: second edition. Chapman & Hall. United Kingdom.
- Schleifer K.H., 2009, Classification of Bacteria and Archaea: Past, present and future, *Systematic and Applied Microbiology*, 32 (2009) 533-542.
- Vernon, K. A truly Taxonomic revolution? Numerical Taxonomy 1957-1970, *Stud. Hist. Phil. Biol. & Biomed. Sci.*, Vol. 32, No, 2, pp, 315-341, 2001.
- Willey M, Joanne, Linda M,S,, Christopher J, W,, 2008, *Microbiology*, McGraw-Hill Singapore.
- http://www.dsmz.de/microorganisms/main.php?contentleft_id=12.