

## Peta Keanekaragaman Bakteri Spons *Aaptos* sp. di Perairan Taman Nasional Kepulauan Seribu

Gintung Patantis\*, Hedi Indra Januar, Dewi Seswita Zilda

Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Pengolahan Produk dan Bioteknologi Kelautan dan Perikanan  
Jl. KS Tubun Petamburan VI, Jakarta, Indonesia 11420  
Email: gintung\_p@yahoo.com; Telp. (021) 53650157

### Abstrak

Senyawa metabolit pada spons diketahui memiliki keterkaitan dengan mikroba baik yang bersimbion maupun dalam lingkungan sekitarnya. Perubahan lingkungan baik yang disebabkan oleh pengaruh antropogenik maupun perubahan iklim dapat berpengaruh terhadap lingkungan perairan yang secara tidak langsung dapat mempengaruhi struktur komunitas bakteri di lingkungan tersebut. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui peta keanekaragaman bakteri yang berasosiasi dengan *Aaptos* sp. Sampel yang diuji adalah *Aaptos* sp. dan air dari wilayah perairan Taman Nasional Kepulauan Seribu (TNKpS). Analisis keragaman bakteri dilakukan menggunakan teknik Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP). Hasil penelitian dari 8 lokasi pengambilan sampel *Aaptos* sp. memperlihatkan bahwa bakteri di wilayah ini memiliki rentang indeks keanekaragaman Shannon-Weiner ( $H$ ) sebesar: 0,12–2,56, kekayaan ( $R$ ): 4-29, dan kerataan ( $E$ ): 0,09–0,78. Sementara itu, rentang  $H$ ,  $R$ , dan  $E$  dari air berturut-turut: 1,28-1,97; 6-17; 0,58-0,90. Analisis lanjutan menunjukkan tidak adanya korelasi yang signifikan antara indeks keanekaragaman bakteri *Aaptos* sp. dan air di perairan TNKpS ( $R=0,310$  pada  $P<0,01$ ). Peta keanekaragaman bakteri menunjukkan wilayah dengan keanekaragaman tertinggi adalah di perairan utara dan selatan TNKpS. Hal ini selaras dengan kualitas perairan terbaik di wilayah perairan tersebut, oleh karena itu kondisi lingkungan yang baik perlu terus dijaga agar kekayaan alam yang terkandung didalamnya juga tetap terjaga.

**Kata kunci:** peta, keanekaragaman, bakteri, T-RFLP, Taman Nasional Kepulauan Seribu

### Abstract

#### Bacterial Diversity Map in *Aaptos* sp. from Seribu Islands National Park

Sponge metabolites were reported to be related with their associated microbes and the environment where the sponges grow. Environment changes caused by anthropogenic stressor and climate changes can affect the waters, and indirectly can affect bacterial community structure in the environment and in the sponges. The aim of this study was to determine the map of the bacteria diversity associated with *Aaptos* sp. Samples tested were *Aaptos* sp. and water from the Seribu Islands National Park (TNKpS). Bacterial diversity analysis was conducted using Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) technique. The results showed that the diversity of bacteria in *Aaptos* sp. from the 8 sampling sites had a range of Shannon-Weiner diversity index ( $H$ ) of 0.12 to 2.56, richness ( $R$ ) of 4-29, and evenness ( $E$ ) of 0.09 to 0.78. Meanwhile, the range of  $H$ ,  $R$ , and  $E$  of waters were 1.28-1.97; 6-17; 0.58 to 0.90, subsequently. Further analysis showed that no significant correlation between bacterial diversity index of *Aaptos* sp. and water in the TNKpS waters ( $R=0.310$  at  $P<0.01$ ). Diversity map showed that the areas with highest bacterial diversity were in the north and south of TNKpS waters. This was consistent with the best water quality in these areas, therefore environmental conditions is crucial to maintain its natural resources.

**Keywords:** map, diversity, bacteria, T-RFLP, Seribu Islands National Park

### Pendahuluan

Spons mendiami hampir setiap jenis lingkungan laut, dari perairan kutub, subtropis

sampai tropis, dari laut dangkal sampai dalam (Van Soest, 1989; Barthel dan Tedal, 1993; McClintock et al., 2005). Diperkirakan lebih dari 8.000 spesies telah diketahui, sementara yang belum jumlahnya

diperkirakan dua kali lipat. Spons termasuk kedalam phylum Porifera dengan ciri utama tubuh berpori dan filter feeder. Beberapa jenis spons dapat memompa air kedalam tubuhnya setiap 5 detik yang berfungsi sebagai suplai makanan, oksigen dan membersihkan sisa-sisa hasil metabolismenya (Hooper dan Van Soest, 2002).

*Aaptos* sp. merupakan salah satu jenis spons yang menghasilkan beragam senyawa bioaktif salah satunya adalah aaptamin. Senyawa ini mempunyai bioaktivitas yang beragam (penghambat enzim, antiviral, antimikroba, antifungi, antiparasit, antiouling) (Larghi et al., 2009). Senyawa metabolit pada spons memiliki keterkaitan dengan mikroba baik yang bersimbion maupun dalam lingkungan sekitarnya (Haygood et al., 1999). Perubahan lingkungan disebabkan pengaruh antropogenik maupun perubahan iklim berpengaruh terhadap lingkungan perairan yang secara tidak langsung mempengaruhi struktur komunitas bakteri di lingkungan tersebut (Thiyagarajan et al., 2010) dan pada akhirnya dapat mempengaruhi produksi metabolit spons.

Teknik T-RFLP telah banyak digunakan untuk mengetahui keanekaragaman baik bakteri (Katsivela et al., 2005; Hullar et al., 2006), fungi (Johnson et al., 2004; Genney et al., 2006) dan gen fungsional lain (Tan et al., 2003; Rasche et al., 2006). Prinsip metode ini adalah adanya fragmen (T-RFs) dengan ukuran yang berbeda dari masing-masing gen jika dipotong dengan enzim restriksi. Primer yang digunakan terlebih dahulu diberi label pewarna fluoresen. Data T-RFs dapat ditransformasikan dalam bentuk peta kontur sehingga dapat menggambarkan secara jelas profil T-RFs dari tiap lokasi pengambilan sampel. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui peta keanekaragaman bakteri yang berasosiasi dengan *Aaptos* sp. sehingga diketahui wilayah yang mempunyai potensi sumber senyawa penting.

## Materi dan Metode

Sebanyak 8 sampel *Aaptos* sp. dan air diambil di perairan TNKpS, Jakarta. Sampel diambil dari perairan di zonasi TNKpS yaitu Pulau Kayu Angin Bira (1) mewakili zona inti: Pulau Jagung (2) dan Sebaru Besar (3) zona penyangga: Pulau Melinjo (4), Pelangi (5), dan Kotok (6) zona pemanfaatan wisata: Gosong Panggang (7), dan Pulau Kelapa (8) zona pemukiman, sehingga diharapkan dapat mewakili kondisi TNKpS.

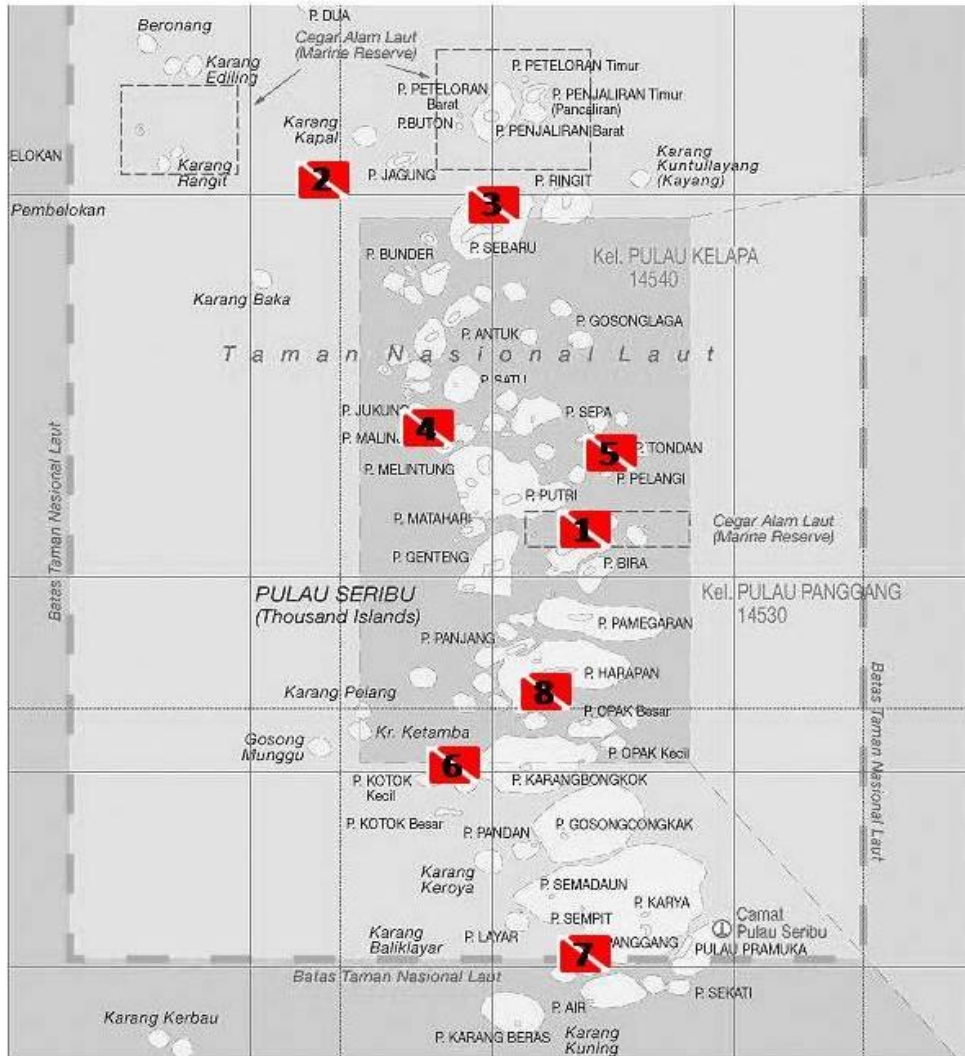
Sampel spons *Aaptos* sp. dan air diambil dari wilayah TNKpS dengan menggunakan peralatan SCUBA diving dari kedalaman 5-10 m. *Aaptos* sp.

diambil sebanyak  $\pm 10$  gr dan air 4 L disaring menggunakan kertas filter 0,22  $\mu$ m. Masing-masing sampel *Aaptos* sp. dan kertas filter hasil penyaringan air laut dimasukkan dalam tabung steril dan disimpan dalam suhu dingin, selanjutnya dibawa ke laboratorium untuk di ekstrak DNA total.

Kertas saring 0,22  $\mu$ m yang telah berisi mikroorganisme hasil penyaringan dari air laut dipotong kecil-kecil dan ditambahkan bufer ekstraksi (100 mM Tris-Cl pH 8; 100 mM Na-EDTA; 100 mM Na-Phospat pH 8; 1,5 M NaCl dan 1% CTAB), kemudian divortek dengan kecepatan penuh selama 10 menit dan disentrifugasi 10.000 xg selama 10 menit. Pelet yang didapat digunakan untuk ekstraksi DNA. Sekitar 10 g sampel *Aaptos* sp. dihancurkan dan ditambahkan 10 ml bufer ekstraksi kemudian disentrifugasi bertahap pada 200 xg, 600 xg selama 2 menit dan 10.000 xg selama 5 menit, setiap tahapan diambil supernatan dan dipindahkan ke dalam tabung baru, pelet yang diperoleh pada tahap akhir digunakan untuk ekstraksi DNA total.

Metode ekstraksi DNA total mengikuti metode Zhou et al. (1996) dengan modifikasi. Pelet yang diperoleh dari perlakuan awal dihomogenkan dengan 750  $\mu$ l bufer ekstraksi kemudian disentrifugasi pada 14.000 xg selama 30 detik. Supernatan dipindahkan ke dalam tabung mikrosentrifuse dan dibekukan pada  $-70^{\circ}\text{C}$ , selanjutnya segera dicairkan pada  $65^{\circ}\text{C}$  (tahapan ini diulang dua kali). Sampel ditempatkan pada suhu ruang, selanjutnya ditambah 5  $\mu$ l proteinase-K dan diinkubasi pada suhu  $37^{\circ}\text{C}$  selama 30 menit. Selanjutnya sampel ditambahkan 150  $\mu$ l 10% larutan sarkosyl kemudian diinkubasi pada suhu  $65^{\circ}\text{C}$  selama 30 menit, dengan dibalik setiap 10 menit. Tahap selanjutnya dilakukan sentrifugasi pada 10.000 xg selama 5 menit, dan supernatant dipindahkan ke tabung baru, kemudian ditambah dengan Phenol:Chlorofom:Isoamilalkohol (25:24:1) dengan volume yang sama. Sampel selanjutnya disentrifugasi pada 14.000 xg selama 5 menit. Fase air yang diperoleh dipindahkan ke tabung baru kemudian ditambahkan klorofom dengan volume yang sama dan dibalik-balik sampai homogen. Sampel disentrifugasi pada 14.000 xg selama 5 menit dan fase airnya ditambah dengan 0.6 x volume isopropanol dingin dan diinkubasi pada  $-20^{\circ}\text{C}$  selama 20 menit. Sampel selanjutnya disentrifugasi pada 16.000 xg selama 5 menit. Supernatant dibuang dan pelet yang terbentuk dicuci dengan etanol 70% dan dikeringkan. Pelet dilarutkan dalam 50-100  $\mu$ l Tris-Cl pH 8. DNA yang diperoleh divisualisasi pada agarose 1% dengan buffer TAE dan diwarnai dengan SYBR Gold (Invitrogen). DNA total dimurnikan dengan Plus Wizard Genome Purification Kit (Promega) sesuai protokol pabrik.





**Gambar 1.** Lokasi pengambilan sampel *Aaptos* sp. di TNKpS (Holtrof, 2004) Keterangan : 1. Pulau Kayu Angin Bira; 2. Jagung; 3. Sebaru Besar; 4. Melinjo; 5. Pelangi; 6. Kotok; 7. Gosong Panggang dan 8. Kelapa



**Gambar 2.** Sampel yang *Aaptos* sp. yang digunakan dalam penelitian

Gen 16S-rRNA diamplifikasi dengan primer 27F-FAM (5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3') yang telah diberi label phosphoramidite fluorochrome 5-carboxyfluorescein (FAM) diposisi 5'- dan 1387R (5'-GGG CGG WGT GTA CAA GGC-3') (Marchesi *et al.*, 1998). Campuran reaksi PCR terdiri dari: 12,5 µL GoTaq (Promega), 1 µl primer 27F dan 1387R primer (25 pmol.µl<sup>-1</sup>), 9,5 µL ddH<sub>2</sub>O, dan 1 µl DNA sebagai templet. Perlakuan suhu yang digunakan adalah sebagai berikut : denaturasi awal pada 95°C

selama 5 menit, kemudian 30 siklus (denaturasi pada 94°C selama 60 detik, annealing pada 56°C selama 75 detik, ekstensi pada 72°C selama 90 detik), dan ekstensi akhir 72°C selama 20 menit dan terakhir 4°C ~. Produk PCR dielektroforesis menggunakan gel agarose 1%. Produk PCR terlabel yang dihasilkan dipotong dengan enzim restriksi Msp1 selama 4 jam pada suhu 37°C. Total reaksi adalah 30 µl yang terdiri dari 3 µl enzim restriksi, 3 µl 10x bufer restriksi, dan 24 µl produk PCR. DNA

hasil restriksi dijalankan pada alat sekuensing DNA ABI Prism Avant 3100 Geentic Analyser (Applied Biosystem, USA) menggunakan program GenScan dan menggunakan GS 500 ROX (Applied Biosystem, USA) sebagai marker. Analisis di laboratorium 1<sup>st</sup> Base, Singapura.

Keragaman komunitas bakteri dianalisis dengan indek kekayaan (R), Shannon-Weiner (H), dan Evenness (E). Indek kekayaan dihitung berdasarkan jumlah T-RFs masing-masing sampel, indek Shannon-Weiner dihitung berdasarkan persamaan  $H = -\sum(\pi)(\ln\pi)$  yang merupakan perbandingan dari area T-RFs sampel dengan keseluruhan area T-RFs. Evenness dihitung dari persamaan  $H/H_{max}$ ,  $H_{max} = \ln R$  (Allen *et al.*, 2009). Selanjutnya dilakukan analisis non-parametrik Spearman untuk mengetahui korelasi antara tiap nilai indek. Pembuatan peta dilakukan dengan Surfer 8.

## Hasil dan Pembahasan

Teknik T-RFLP banyak digunakan untuk penelitian ekologis, karena sampel lingkungan dalam jumlah banyak dapat secara cepat dianalisis dalam waktu yang relatif singkat. Setiap sampel dapat dibandingkan kesamaannya dan dapat mendeteksi perubahan kondisi lingkungan baik secara spasial maupun temporal, tanpa harus menganalisis setiap fragmen T-RFs (Danovaro *et al.*, 2006; Edlund *et al.*, 2006)

Analisis T-RFLP menghasilkan pola T-RFs yang berbeda dari tiap sampel. Pada analisis ini hanya digunakan 1 jenis enzim restriksi yaitu Msp1. Menurut Pringault *et al.* (2008) penggunaan 1 enzim restriksi sudah cukup untuk mengestimasi keanekaragaman bakteri disuatu komunitas menggunakan T-RFLP. Penggunaan 2 atau lebih enzim mungkin memberikan nilai yang berbeda tetapi tidak meningkatkan nilai perkiraan dari keanekaragaman bakteri. Hasil dari penggunaan 2 atau lebih enzim adalah informasi lebih mengenai komposisi dari komunitas bakteri tersebut. Berikut adalah hasil analisis T-RFLP dari masing-masing sampel *Aaptos* sp. dan air (Gambar 3).

Gambar 3. menunjukkan adanya perbedaan pola T-RFs dari masing-masing sampel yang dihasilkan dari pemotongan gen 16S rRNA dengan enzim restriksi Msp1. Perbedaan tersebut tidak hanya pada banyaknya T-RFs melainkan juga tinggi dan luas area T-RFs tersebut (data tidak ditunjukkan). Perbedaan ukuran T-RFs (base pair) menunjukkan perbedaan sisi pemotongan oleh enzim restriksi pada sekuens gen 16S rRNA (perbedaan sekuen

gen 16S rRNA/ jenis bakteri), sedangkan perbedaan area akan menentukan kelimpahan relatif dari T-RFs (perbedaan jumlah) (Schutte *et al.*, 2008). Walaupun mempunyai pola yang berbeda tetapi ada beberapa fragmen T-RFs yang muncul disemua lokasi pengambilan sampel, yaitu T-RFs ukuran 63 pada sampel *Aaptos* sp. dan ukuran 63, 203 dan 486 pada sampel air (data tidak ditunjukkan). Hal ini diduga karena keberadaan jenis bakteri yang diwakili oleh T-RFs itu kurang dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. Hasil penelitian Pringault *et al.* (2008) menunjukkan bahwa ada beberapa fragmen T-RFs dari gen 16S rRNA yang diisolasi dari sedimen laut memiliki kemunculan 67% pada 23 kali sampling selama 2 tahun.

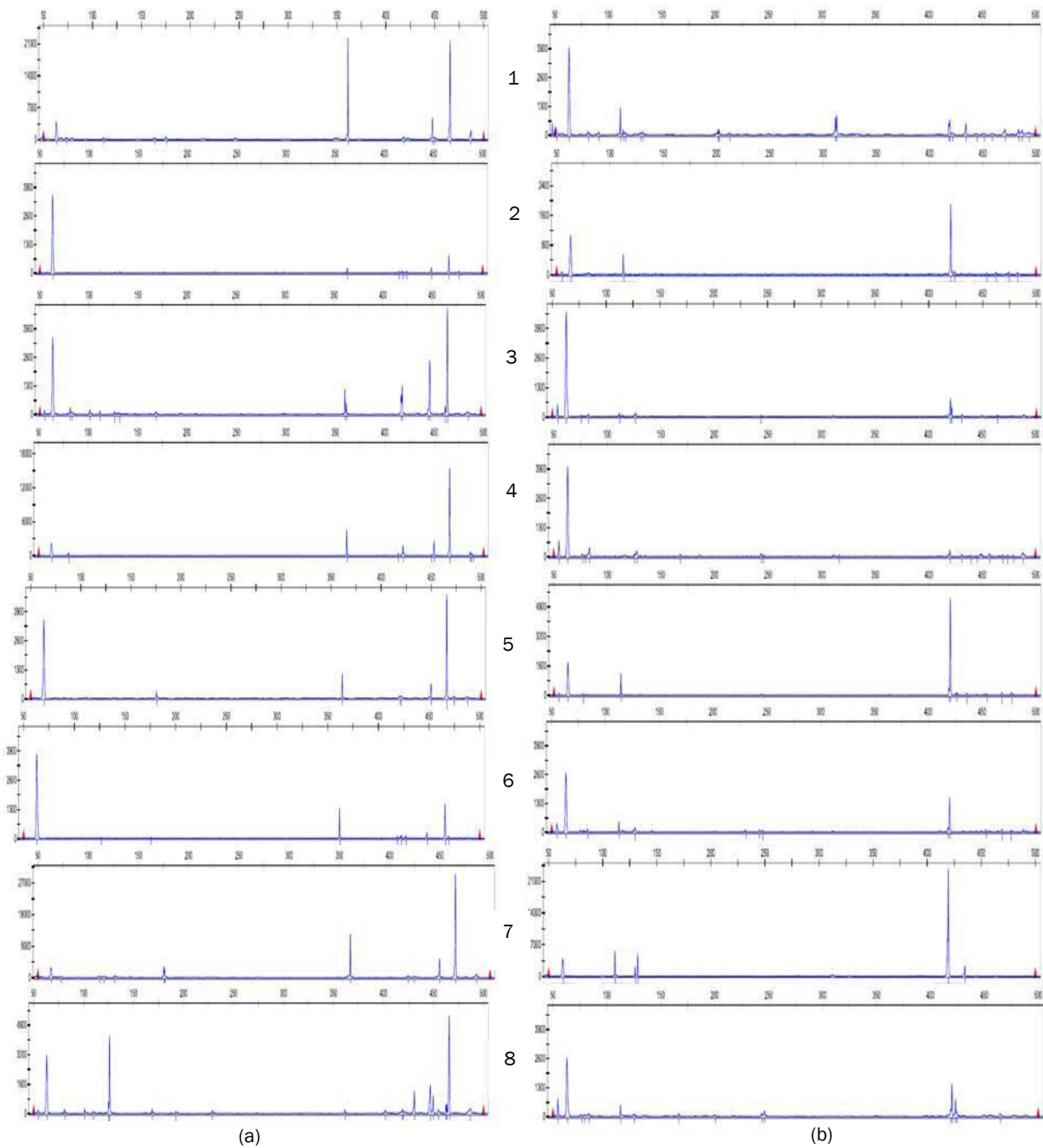
Pada beberapa lokasi juga ditemukan fragmen T-RFs yang muncul baik pada sampel *Aaptos* sp. maupun pada sampel air, seperti fragmen 202 di pulau Kayu Angin Bira, Sebaru, Kelapa; 448 di Melinjo, Katok, Sebaru dan 489 di Kayu Angin Bira, Sebaru dan Kelapa. Kesamaan ini menunjukkan bahwa bakteri yang hidup diperairan sekitar habitat *Aaptos* sp. juga hidup di dalam spons tersebut. Hal ini selaras dengan pendapat Hooper dan Van Soest (2002) bahwa beberapa dari jenis spons dapat memompa air kedalam tubuhnya setiap 5 detik yang berfungsi sebagai suplai makanan, oksigen dan membersihkan sisa-sisa hasil metabolismenya. Air yang dipompa mengandung partikel termasuk bakteri yang ikut terserap kedalam tubuh spons dan hidup di dalamnya.

Salah satu komunitas bakteri yang hidup dalam tubuh spons mempunyai kemiripan dengan bakteri yang hidup di air laut sekitarnya. Hasil Gambar 3 dapat di diubah menjadi indeks keanekaragaman seperti indek kekayaan (R), keragaman Shannon-Weiner (H), dan pemerataan (E) menggunakan rumus seperti yang dijelaskan Allen *et al.* (2009).

Indek keragaman (H) T-RFs *Aaptos* sp. berada pada posisi rendah sampai sedang, begitu juga air, menurut kriteria Santosa (2008). Nilai H tertinggi terlihat di lokasi Pulau Sebaru Besar yaitu 2,56 untuk *Aaptos* sp. dan 1,97 untuk air, sedangkan nilai terendah ditunjukkan oleh sampel *Aaptos* sp. di Pulau Panggang yaitu 0,12 dan pada air di Pulau Pelangi yaitu 1,28. Hal yang sama ditunjukkan pada nilai R, dimana nilai tertinggi juga ditemukan di Pulau Sebaru Besar yaitu 29 untuk *Aaptos* sp. dan 17 untuk air. Perbedaan terlihat pada nilai R terendah yang ditunjukkan oleh sampel air di Pulau Kayu Angin Bira. Nilai dominasi (E) menunjukkan adanya dominasi pada jenis bakteri tertentu baik pada sampel *Aaptos* sp. maupun sampel air.

Korelasi indeks keanekaragaman bakteri antara *Aaptos* sp. dan air tidak signifikan (Tabel 2.). Nilai korelasi antara H *Aaptos* sp. dan H Air adalah 0,310; dan antara R *Aaptos* sp. dan R Air sebesar 0,301; dimana nilai tersebut masih tergolong dalam korelasi yang cukup (Sarwono, 2006). Walaupun spons hewan filter feeder yang memompa air kedalam tubuhnya tidak serta merta semua bakteri

yang terperangkap di dalam tubuhnya dapat hidup, hal ini dibuktikan dengan tidak semua fragmen T-RFs pada *Aaptos* sp. dan air sama. Untuk melihat gambaran lebih jelas tentang keanekaragaman bakteri yang terdapat pada *Aaptos* sp. dan sampel air di wilayah TNKpS, nilai keragaman (H) ditransformasikan ke dalam bentuk peta kontur seperti pada Gambar 4.



**Gambar 3.** Pola T-RFs sampel (a) *Aaptos* sp. dan (b) air (1. Pulau Kayu Angin Bira; 2. Jagung; 3. Sebaru Besar; 4. Melinjo; 5. Pelangi; 6. Kotok; 7. Gosong Panggang dan 8. Kelapa)

Peta profil keanekaragaman bakteri di TNKpS dapat dilihat pada Gambar 4. Korelasi indeks H antara *Aptos* sp. dan air tidak signifikan (0,310), walaupun demikian peta profil keanekaragaman keduanya masih menunjukkan tipe yang sama yaitu: pusat keanekaragaman bakteri baik pada sampel *Aptos* sp. maupun air terpusat pada daerah utara dan selatan TNKpS. Hal ini membuktikan bahwa terjadi interaksi antara *Aptos* sp. dan air. Hasil pengukuran kualitas air yang dilakukan pada saat pengambilan sampel juga menunjukkan pola yang sama yaitu perairan dengan kualitas air yang baik adalah pada kedua wilayah tersebut (Chasanah et al., 2010; 2013). Patantis et al. (2012) juga melaporkan bahwa keanekaragaman bakteri dan metabolit sekunder pada *Nepthea* spp. tertinggi di TNKpS terdapat pada lokasi bagian utara.

Wilayah utara merupakan wilayah yang jauh dari stresor antropogenik sehingga masih memiliki kualitas perairan yang baik (pencemaran rendah). Kualitas perairan yang baik memungkinkan bakteri untuk berkembang dengan baik pula, apabila ada satu atau lebih sifat fisika, kimia yang menonjol, maka hanya bakteri tertentu saja yang mampu

beradaptasi dengan kondisi tersebut. Perairan dengan jumlah amonia korelasi antara H *Aptos* sp. dan H Air adalah 0,310; dan antara R *Aptos* sp. dan R Air sebesar 0,301; dimana nilai tersebut masih tergolong dalam korelasi yang cukup (Sarwono, 2006). Walaupun spons hewan filter feeder yang memompa air kedalam tubuhnya tidak serta merta semua bakteri yang terperangkap di dalam tubuhnya dapat hidup, hal ini dibuktikan dengan tidak semua fragmen T-RFs pada *Aptos* sp. dan air sama.

Korelasi indeks H antara *Aptos* sp. dan air tidak signifikan (0,310), walaupun demikian peta profil keanekaragaman keduanya masih menunjukkan tipe yang sama (Gambar 4) yaitu: pusat keanekaragaman bakteri baik pada sampel *Aptos* sp. maupun air terpusat pada daerah utara dan selatan TNKpS. Hal ini membuktikan bahwa terjadi interaksi antara *Aptos* sp. dan air. Hasil pengukuran kualitas air yang dilakukan pada saat pengambilan sampel juga menunjukkan pola yang sama yaitu perairan dengan kualitas air yang baik adalah pada kedua wilayah tersebut (Chasanah et al., 2010).

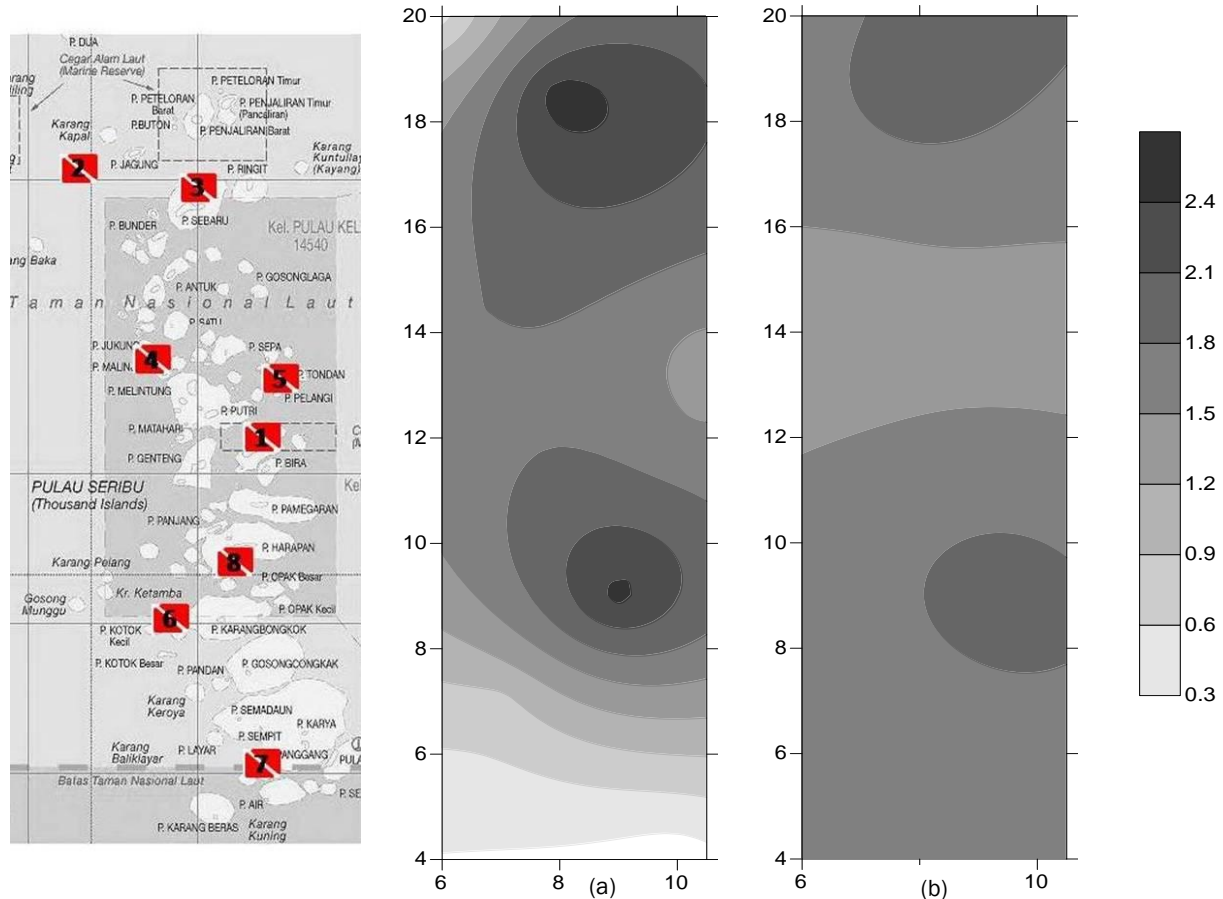
**Tabel 1.** Indeks keragaman Shannon-Weiner (H), kekayaan (R), dan pemerataan (E) dari T-RFs sampel *Aptos* sp. dan air dari tiap lokasi pengambilan sampel di TNKpS

No	Lokasi Pengambilan Sampel (Pulau)	<i>Aptos</i> sp.			Air		
		H	R	E	H	R	E
1	Kayu Angin Bira	1,55	17	0,55	1,61	6	0,90
2	Jagung	0,48	7	0,25	1,68	11	0,70
3	Sebaru Besar	2,56	29	0,76	1,97	17	0,70
4	Melinjo	1,81	9	0,83	1,33	8	0,64
5	Pelangi	1,37	10	0,59	1,28	9	0,58
6	Katok	0,81	9	0,37	1,55	14	0,59
7	Gosong Panggang	0,12	4	0,09	1,62	9	0,74
8	Kelapa	2,49	24	0,78	1,94	12	0,78
	Rata-rata	1,40	14	0,53	1,62	11	0,70

**Tabel 2.** Korelasi Spearman dari indeks keragaman Shannon-Weiner (H), kekayaan (R), dan pemerataan (E) T-RFs sampel *Aptos* sp. dan air tiap lokasi pengambilan sampel di TNKpS

Korelasi Spearman		H Air	R Air	E Air
H <i>Aptos</i> sp.	Koefisien korelasi	0,310	0,228	0,144
	P (2-arah)	0,456	0,588	0,734
R <i>Aptos</i> sp.	Koefisien korelasi	0,347	0,301	0,205
	P (2-arah)	0,399	0,468	0,627
E <i>Aptos</i> sp.	Koefisien korelasi	-0,048	0,000	-0,096
	P (2-arah)	0,911	1,000	0,821

Keterangan:  $P < 0,01$



Gambar 4. Peta profil keanekaragaman bakteri (a) *Aaptos* sp. (b) air di TNKpS

Patantis et al. (2012) juga melaporkan bahwa keanekaragaman bakteri dan metabolit sekunder pada *Nephtea* spp. tertinggi di TNKpS terdapat pada lokasi bagian utara. Wilayah utara merupakan wilayah yang jauh dari stresor antropogenik sehingga masih memiliki kualitas perairan yang baik (pencemaran rendah). Kualitas perairan yang baik memungkinkan bakteri untuk berkembang dengan baik pula, apabila ada satu atau lebih sifat fisika, kimia yang menonjol, maka hanya bakteri tertentu saja yang mampu beradaptasi dengan kondisi tersebut. Perairan dengan jumlah amonia yang berlebih akan cenderung didominasi bakteri nitrifikasi, begitu pula apabila perairan tersebut memiliki suhu yang lebih tinggi maka cenderung akan didominasi oleh bakteri termofilik. Chasanah et al. (2013) melaporkan bahwa komunitas bakteri pada *Aaptos* sp. di perairan TNKpS didominasi oleh Actinobacteria, Flavobacteria,  $\alpha$ -proteobacteria,  $\delta$ -proteobacteria dan  $\gamma$ -proteobacteria. Data keanekaragaman bakteri pada *Aaptos* sp., air, *Netphea* spp. metabolit sekunder dan kualitas air mengindikasikan bahwa pada lokasi dengan kondisi perairan yang baik mempunyai potensi sebagai sumber plasma nutfah yang potensial. Oleh karena itu, pentingnya menjaga

kondisi lingkungan agar tetap dalam kondisi baik perlu dilakukan.

### Kesimpulan

Peta keanekaragaman bakteri baik pada *Aaptos* sp. maupun air di wilayah TNKpS memperlihatkan pola yang sama yaitu pada daerah dengan kondisi lingkungan yang baik (utara dan selatan) mempunyai keanekaragaman yang tinggi. Hasil penelitian ini menegaskan bahwa kondisi lingkungan yang baik perlu dijaga agar plasma nutfah yang terkandung tetap terjaga.

### Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Ariyanti Suhita atas dokumentasi sampel dan Staf Taman Nasional Kepulauan Seribu untuk bantuannya dalam pelaksanaan kegiatan penelitian di lapangan: Sahiran, Satibi, dan Hamdani. Saya ucapkan juga kepada semua pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu yang telah membantu jalannya penelitian.



## Daftar Pustaka

- Allen, B., M. Kon & B.Y. Yaneer. 2009. A New Phylogenetic Diversity Measure Generalizing The Shannon Index and Its Application to Phyllostomid Bats. *The American Naturalist*. 174:2.
- Barthel, D. & O.S. Tendal 1993. The Sponge Association of The Abyssal Norwegian-Greenland Sea: Species Composition, Substrate Relationships and Distribution. *Sarsia*. 78(2): 83-96.
- Chasanah, E., G. Patantis, A.S. Dewi, E. Marraskuranto, H.I. Januar, S. Stella, S. Soka & Yogiara. 2013. Analysis of Bacterial Community Associated with *Aaptos* sp. from Rote and Seribu Islands. *Microbiol. Indonesia*. 7(1):37-44.
- Chasanah, E., Dwiyitno, H.I. Januar, Marraskuranto, E., A.S. Dewi, P. Nandang, N. Rachmawati, G. Patantis & Yogiara. 2010. Pengkajian Efek Perubahan Iklim dan Stresor Antropogenik pada Senyawa Bioaktif Ekologis Biota Invertebrata Terumbu Karang di Lingkungan CTI. Laporan Teknis. Balai Besar Riset Pengolahan Produk dan Bioteknologi Kelautan dan Perikanan. Jakarta. 99 pp.
- Danovaro, R., G.M. Luna, A. Dell'Anno & B. Pietrangeli. 2006. Comparison of Two Fingerprinting Techniques, Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism and Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis, for Determination of Bacterial Diversity in Aquatic Environments. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 5982-5989.
- Edlund, A., T. Soule, S. Sjoling & J.K. Jansson. 2006. Microbial Community Structure in Polluted Baltic Sea Sediments. *Environ. Microbiol.* 8: 223-232.
- Genney, D.R., I.C. Anderson & I.J. Alexander. 2006. Fine-Scale Distribution of Pine Ectomycorrhizas and Their Extramatrical Mycelium. *New Phytol.* 170:381-390.
- Haygood, M.G., E.W. Schmidt, S.K. Davidson & D.J. Faulkner. 1999. Microbial Symbionts of Marine Invertebrates: Opportunities for Microbial Biotechnology. *Molecular Microbiol. Biotechnol.* 1(1):33-43.
- Holtrof, G.W. 2004. Jakarta Jabodetabek: Peta Jalan dan Index. Edisi 14. PT Djambatan, Indonesia.
- Hooper, J.N.A. & R.W.M. Van Soest. 2002. In *Systema Porifera: A Guide to The Classification of Sponges*, Kluwer/Plenum. New York.
- Hullar, M.A.J., L.A. Kaplan & D.A Stahl. 2006. Recurring Seasonal Dynamics of Microbial Communities in Stream Habits. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:713-722.
- Johnson, D., P.J. Vandenkoornhuys, J.R. Leake, L. Gilbert, R.E. Booth, J.P. Grime, J.P.W. Young & D.J. Read. 2004. Plant Communities Affect Arbuscular Mycorrhizal Fungal Diversity and Community Composition in Grassland Microcosms. *New Phytol.* 161:503-515.
- Katsivela, E., E.R.B. Moore, D. Maroukli, C. Strompl, D. Pieper & N. Kalogerakis. 2005. Bacterial Community Dynamics During in Situ Bioremediation of Petroleum Waste Sludge in Land Farming Sites. *Biodegradation.* 16:169-180.
- Larghi, E.L., M.L. Bohn, & T.S. Kaufman. 2009. Aaptamine and Related Products. Their Isolation, Chemical Syntheses, and Biological Activity. *Tetrahedron.* 65:4257-4282.
- Marchesi, J.R., T. Sato, A.J. Weigtman, T.A. Martin, J.C. Fry, S.J. Hiom, D. Dymock & W.G. Wades. 1998. Design and Evaluation of Useful Bacterium-Specific PCR Primers That Amplify Genes Coding for Bacterial 16S rRNA. *Appl Environ Microbiol.* 64:795-799.
- McClintock, J.B., C.D. Amsler, B.J. Baker & R.W.M. Van Soest. 2005. Ecology of Antarctic Marine Sponges: An Overview. *Integr. Comp. Biol.* 45:359-368.
- Patantis, G., H.I. Januar & E. Chasanah. 2012. Korelasi Keanekaragaman Bakteri Terhadap Metabolit Sekunder *Nepthea* spp. dari Perairan Taman Nasional Kepulauan Seribu. *Widyariset.* 15(3):509-517.
- Pringault, O., R. Duran, S. Jacquet & J.P. Torreton. 2008. Temporal Variations of Microbial Activity and Diversity in Marine Tropical Sediments (New Caledonia Lagoon). *Microb. Ecol.* 55(2): 247-258.
- Rasche F, V. Hodl, C. Poll, E. Kandeler, M.H. Gerzabek, J.D. Van Elsas & A. Sessitsch. 2006. Rhizosphere Bacteria Affected by Transgenic Potatoes with Antibacterial Activities Compared with The Effects of Soil, Wild-Type Potatoes, Vegetation Stage and Pathogen Exposure. *FEMS Microbiol. Ecol.* 56:219-235.

- Santosa, Y., E.P. Ramadhan & D.A. Rahman. 2008. Studi Keragaman Mamalia pada Beberapa Tipe Habitat di Stasiun Penelitian Pondok Ambung Taman Nasional Tanjung Puting Kalimantan Tengah. *Media Konservasi*. 13(3):1-7.
- Sarwono, J. 2006. Metode Penelitian Kuantitatif dan Kualitatif. Yogyakarta: Graha Ilmu. 288 pp.
- Schutte, U.M.E., Z. Abdo, S.J. Bent, C. Shyu, C.J. Williams, J.D. Pierson & L.J. Forney. 2008. Advances in The Use of Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) Analysis of 16S rRNA Genes to Characterize Microbial Communities. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 80:365–380.
- Tan, X.Y., T. Hurek & B. Reinhold-Hurek. 2003. Effect of N-Fertilization, Plant Genotype and Environmental Conditions on Nifh gene Pools in Roots of Rice. *Environ. Microbiol.* 5:1009–1015.
- Thiyagarajan, V., S. Lau, M. Tsoi, W. Zhang & P.Y. Qian. 2010. Monitoring Bacterial Biodiversity in Surface Sediment Using Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism Analysis (T-RFLP): Application to Coastal Environment. *Coas. Environ. Ecosyst. Issues of the East China Sea.*: 151-163.
- Van Soest R.W.M. 1989. The Indonesian Sponge Fauna: A Status Report. *Netherlands J. Sea Res.* 23(2):223-230.
- Zhou, J., M.A. Bruns & J.M. Tiedje. 1996. DNA recovery from soils of diverse composition. *Appl. Environ. Microbiol.* 62(2):316-322