

## PENGEMBANGAN DATABASE MIKROORGANISME INDIGENOS INDONESIA

Wellyzar Sjamsuridzal<sup>1</sup>, Ariyanti Oetari<sup>1</sup>, Gatot F. Hertono<sup>2</sup>, dan Sitaresmi<sup>1</sup>

1. Departemen Biologi, FMIPA, Universitas Indonesia, Depok 16424, Indonesia
2. Departemen Matematika, FMIPA, Universitas Indonesia, Depok 16424, Indonesia

E-mail: [sjwelly@cbn.net.id](mailto:sjwelly@cbn.net.id)

### Abstrak

Penelitian bertujuan membangun dan mengembangkan *database* mikroorganisme indigenos Indonesia yang berbasis di Universitas Indonesia. Pengembangan sistem aplikasi *database* mikroorganisme indigenos Indonesia dilakukan melalui beberapa tahap, yaitu: identifikasi data, desain *database*, programming, entri data, testing dan *debugging*, dan perbaikan serta pemeliharaan. Pengembangan sistem *database* dilakukan menggunakan perangkat lunak yang berlisensi *General Public License (GPL)*. Nama dan versi perangkat lunak yang digunakan adalah: *Linux RedHat 9.0 (operating system)*, *Apache ver. 2.20 (web server)*, *MySQL ver. 4.2 (database server)*, dan *PHP ver. 4.3 (web interface programming language)*. Hasil yang diperoleh pada penelitian ini adalah telah dibangun sebuah *database* dengan nama *UI Bioinfo*, dengan fasilitas: pelayanan pencarian katalog koleksi biakan *UICC (University of Indonesia Culture Collection)* secara *online* dan pelayanan pencarian homologi sekuen terhadap data koleksi melalui program *BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)*. Pengumpulan informasi terpadu dimulai dari koleksi khamir *UICC*. Saat ini *database UI Bioinfo* menyimpan informasi terpadu dari 297 *strain* khamir yang meliputi data isolasi; deskripsi morfologi; fisiologi-biokimia, foto-foto, data sekuen gen *large subunit ribosomal RNA (LSU rRNA)* dan *internal transcribed spacers (ITS regions)*. Sistem *database* mikroorganisme indigenos yang telah dikembangkan, untuk sementara dapat diakses melalui situs <http://152.118.162.250/bio/>. Pengembangan *database* selanjutnya akan dilakukan dengan penambahan informasi dari koleksi yang belum dideskripsi.

### Abstract

**Development of Database for Indigenous Indonesian Microorganisms.** The objective of the research is to create and develop a database of indigenous Indonesian microorganisms based at the University of Indonesia. Development of the database of indigenous Indonesian microorganisms was carried out in several stages, i.e. data identification, database design, programming, data entry, testing and debugging, and repairing and maintenance. Development of the database utilized the licensed software of General Public License (GPL), which include Linux RedHat 9.0 (operating system), Apache ver. 2.20 (web server), MySQL ver. 4.2 (database server), and PHP ver. 4.3 (web interface programming language). The result of this research is a database named *UI Bioinfo* which has the following facilities: online catalog search for *UICC (University of Indonesia Culture Collection)* strains collection and sequence homology search utility through *BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)*. Integrated information on strains collection was first carried out on the yeast collection. At present, *UI Bioinfo* contains information for 297 strains that includes isolation data, morphological descriptions, physiology-biochemical characteristics, and images. Moreover it also contains sequence data from the large subunit (LSU) ribosomal RNA gene and the internal transcribed spacer (ITS) regions. *UI Bioinfo* can be accessed from the following site: <http://152.118.162.250/bio/>. Future development will be addition of data from the other collections in *UICC*.

*Keywords: Bioinformatics, database, Indonesia, microorganisms*

## 1. Pendahuluan

Suatu negara dapat memperoleh keuntungan yang sangat tinggi dari pemanfaatan sumber daya hayati mikroorganisme, melalui pengembangan suatu koleksi biakan dan pengembangan teknologi berbasis informasi biologi (bioinformatika) dari koleksi biakan indigenos. Negara-negara di Asia yang telah memiliki *database* mikroorganisme indigenos antara lain adalah Jepang, Korea, Cina dan Thailand. Berdasarkan publikasi Hawksworth [1] mengenai biodiversitas mikroorganisme di dunia, baru sekitar 10% mikroorganisme yang ditemukan di dunia, sedangkan 90% masih belum dieksplorasi. Indonesia dikenal sebagai negara megabiodiversitas, akan tetapi informasi tentang biodiversitas mikroorganisme indigenos di Indonesia masih sangat minim jika dibandingkan dengan informasi tentang hewan dan tumbuhan indigenos Indonesia.

Koleksi mikroorganisme *University of Indonesia Culture Collection (UICC)* merupakan salah satu koleksi biakan di Indonesia yang berada di Departemen Biologi FMIPA-UI sejak 1980 dan terdaftar sebagai anggota ke-563 dari *World Federation on Culture Collection (WFCC)*. Kegiatan *UICC* meliputi eksplorasi, isolasi, identifikasi dan pengujian bioprospeksi mikroorganisme indigenos Indonesia. *UICC* mengoleksi mikroorganisme yang penting bagi industri (kedokteran, lingkungan, pertanian, pangan, dan bioteknologi) serta unik dan penting bagi dunia ilmu pengetahuan. Tujuan dari *UICC* adalah melakukan konservasi biodiversitas mikroorganisme indigenos Indonesia secara *ex-situ*. *UICC* telah melakukan penelitian eksplorasi mikroorganisme indigenos Indonesia dan mengoleksi sebanyak 2.155 *strain* indigenos Indonesia yang terdiri dari 43 *strain* bakteri; 479 *strain* kapang (*filamentous fungi/moulds*) dan 1.933 *strain* khamir (*yeasts*).

Tujuan penelitian adalah membangun dan mengembangkan sebuah *database* mikroorganisme indigenos Indonesia yang berbasis di Universitas Indonesia, yang dapat dipercaya dan akurat berdasarkan informasi biologi terpadu dari karakter-karakter fenotipik dan genotipik koleksi biakan yang dimiliki. Pengumpulan informasi terpadu untuk *database* dimulai dari koleksi khamir *UICC*. Informasi dari koleksi khamir meliputi data isolasi; deskripsi morfologi; fisiologi-biokimia; foto-foto; dan data sekuen gen *large subunit ribosomal RNA* (LSU rRNA) serta sekuen daerah *internal transcribed spacers (ITS regions)*.

Pengembangan *database* koleksi biakan dilakukan dengan cara: penelitian dan pengumpulan data *strain* untuk pembuatan katalog koleksi biakan *UICC* Pengumpulan data sekuens untuk pembuatan *database* sekuens koleksi biakan *UICC*, serta pengembangan sistem dan aplikasi *database* berbasis web untuk koleksi biakan tersebut. Tujuan dari pengembangan sistem dan aplikasi *database* selain untuk memfasilitasi *database* koleksi biakan *UICC*, juga untuk memfasilitasi penyimpanan data-data sekuen, fenotipik, dan isolasi yang dimiliki oleh Lab/Departemen/ Fakultas lain di lingkungan Universitas Indonesia. Di samping hal tersebut, dengan adanya sistem *database* ini, data-data *UICC* yang belum didaftarkan pada *genebank*, akan tetap terjaga hak ciptanya dan tetap menjadi milik *UICC*.

## 2. Metode Penelitian

Sebanyak 297 *strain* khamir indigenos Indonesia koleksi *UICC* dikarakterisasi secara fenotipik dan genotipik. Karakterisasi morfologi makroskopik dan mikroskopik, karakterisasi fisiologi dan biokimia khamir ditentukan berdasarkan metode standar yang tercantum dalam Yarrow [2].

Persiapan *template DNA* khamir untuk reaksi *Polymerase Chain Reaction (PCR)* mengikuti metode Sjamsuridzal dan Oetari [3]. Untuk reaksi PCR dengan *PCR Master Mix* (Promega). Primer universal yang digunakan untuk mengamplifikasi daerah D1/D2 gen LSU rRNA untuk *forward* adalah primer F63 (5'-GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG) dan untuk *reverse* adalah primer LR3 (5'-GGTCCGTGTTCAAGACG). Daerah D1/D2 terdapat pada posisi 40 sampai 654 pada gen LSU rRNA dari *Saccharomyces cerevisiae* [4]. Sedangkan pasangan primer yang digunakan untuk mengamplifikasi daerah internal transcribed spacers (ITS) untuk 'forward' adalah primer ITS5 (GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG) dan untuk 'reverse' adalah ITS4 (TCCTCCGCTTATGATATGC) [5]. Reaksi PCR dilakukan pada kondisi sebagai berikut: 1 siklus pada 95 °C selama 4 menit; 35 siklus pada 94 °C selama 1 menit; 53 °C selama 45 detik, dan 72 °C selama 1 menit 15 detik; 1 siklus pada 72 °C selama 8 menit.

Reaksi *Cycle Sequencing* menggunakan kit *Thermo Sequenase Primer Cycle Sequencing (Pharmacia)* dan kit *Big Dye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction (Applied Biosystems)*. Reaksi *Cycle Sequencing* dilakukan pada kondisi sebagai berikut: 20 siklus pada 95 °C selama 30 detik; 55 °C selama 30 detik, dan 72 °C selama 1 menit. Pengumpulan data sekuen dilakukan dengan *A.L.F. Express Pharmacia automated DNA sequencer*. Reaksi *Cycle Sequencing* menggunakan kit *Big Dye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction (Applied Biosystems)*

dilakukan pada kondisi sebagai berikut: 25 siklus pada 96 °C selama 10 detik; 50 °C selama 5 detik, dan 60 °C selama 1.5 menit. Pengumpulan data sekuen dilakukan dengan *ABI Prism 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) automated DNA sequencer*.

Data sekuens daerah D1/D2 gen LSU rRNA dan daerah ITS yang diperoleh dikirim melalui internet untuk mencari homologi dengan sekuen daerah yang sama pada mikroorganisme yang tersimpan dalam *database DNA (DDBJ, EMBL atau GenBank)* melalui program *BLAST* [6] untuk mengetahui identitasnya. Program *CLUSTAL W* [7] digunakan untuk mengurutkan data sekuen. *Distance matrix* dari data sekuen yang telah diurutkan (*aligned data*) dihitung menggunakan metoda

dua parameter dari Kimura [8]. Konstruksi pohon filogenetik menggunakan metoda *neighbor-joining* (NJ) [9]. Kekuatan masing-masing cabang pohon filogenetik diestimasi dengan melakukan *bootstrapping* sebanyak 1.000 kali replikasi [10].

Pengembangan sistem aplikasi *database* mikroorganisme indigenos Indonesia dilakukan melalui beberapa tahap, yaitu: identifikasi data, desain *database*, *programming*, entri data, *testing* dan *debugging*, perbaikan dan pemeliharaan. Sistem aplikasi *database* ini dibangun berbasis *web* yang dapat diakses setiap saat melalui internet/intranet dan memiliki 4 (empat) fitur utama: pencarian (*searching*) *database*, katalog, *sequence homology search* dengan *BLAST*, dan galeri koleksi foto biakan.

Proses pencarian dapat dilakukan untuk data *strain* dan data sekuen. Sedangkan katalog berisi informasi *strain*, sekuen dan fenotipik dari koleksi *University of Indonesia Culture Collection (UICC)*. Kegiatan pengembangan sistem *database* ini dimulai dengan merancang dan membangun *database* serta tampilan muka pengguna (*user interface*). Entri utama di dalam *database* ini adalah data *strain*. Setiap *strain* memiliki dua kelompok data, yaitu data *strain* dan data sekuensnya. Sedangkan tampilan muka berfungsi sebagai jembatan antara *database* dan pengguna, karena informasi yang ada di dalam *database* harus diatur dan dipilih sesuai kebutuhan.

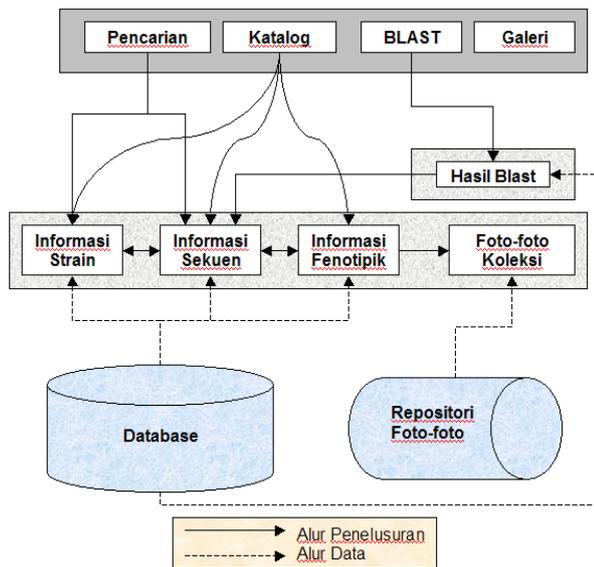
Data *strain* mengandung beberapa informasi di antaranya nama spesies berikut penemunya, nama sinonim dan anamorf berikut juga penemunya, nomor *strain*, nomor isolat, sejarah, habitat, karakterisasi dan informasi lainnya. Kumpulan dari beberapa data *strain* akan dibentuk menjadi sebuah katalog yang diurutkan berdasarkan nama spesies. Kolom nomor *strain* memiliki nama lain *UICC Number* yang juga menjadi *primary key* dari kelompok data *strain*. Isi data sekuen adalah informasi lokus, fitur, origin, dan referensi. Mengingat cukup banyaknya informasi yang dikandung tiap entri, struktur *database* dirancang cukup besar, yaitu menggunakan lebih dari satu tabel. Pengaturan tabel yang tepat dimaksudkan untuk meningkatkan efisiensi kecepatan akses dan menghindari redundansi. Guna melengkapi semua informasi di tiap entrinya, data yang ingin dimasukkan harus telah didaftarkan di sebuah *DNA Bank* seperti *DDBJ*. Selain dari fitur-fitur tersebut, sistem aplikasi ini juga dilengkapi dengan fitur yang berfungsi untuk memasukkan (entri) data koleksi, gambar biakan dan manajemen pengguna (*user management*) yang dapat dilakukan oleh administrator sistem (*sys admin*). Melalui modul ini, seorang administrator (yang mengelola sistem) dapat melakukan manajemen terhadap data sekuens, data *strain* (berserta data fenotipiknya), galeri foto biakan, dan *user account*.

### 3. Hasil dan Pembahasan

Dalam sistem *database* mikroorganisme indigenos Indonesia, antar muka yang dibangun berbasis aplikasi *web*. Hal tersebut dimaksudkan agar *database* mikroorganisme indigenos Indonesia milik *UICC* dapat diakses dari seluruh dunia melalui jaringan internet. Guna menunjang hal tersebut, diperlukan adanya sebuah mesin *web server* dan sebuah mesin *database server*. Dengan dipisahkannya mesin *server* tersebut, diharapkan dapat mengurangi beban masing-masing *server* dan mempercepat akses informasi yang diperlukan.

Secara umum, kerangka dari sistem dan aplikasi *database* ini dapat digambarkan seperti pada Gambar 1. Dalam penelitian ini, pengembangan sistem *database* dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak yang berlisensi *General Public License (GPL)*. Ada beberapa keuntungan yang diperoleh dari perangkat lunak jenis ini. Pertama adalah *GPL* bersifat *open source* dan telah terbukti cukup handal, karena dikembangkan bersama-sama oleh banyak *programmer* di seluruh dunia. Kedua, karena bersifat *open source*, maka diharapkan dapat menekan biaya pemeliharaan dari sistem *database* ini di masa yang akan datang.

Nama dan versi perangkat lunak yang digunakan dalam penelitian ini adalah: *Linux RedHat 9.0* (sistem operasi), *Apache ver. 2.20* (web server), *MySQL ver. 4.2* (database server), dan *PHP ver. 4.3* (web interface programming language). Sistem *database* mikro-organisme indigenos yang telah dikembangkan, untuk sementara dapat diakses melalui situs: <http://152.118.162.250/bio/>. Selanjutnya, setelah penelitian ini berakhir, alamat situs akan dipindahkan



**Gambar 1. Kerangka Sistem dan Aplikasi *Database* Mikroorganisme Indigenos Indonesia**

dan diberi nama sesuai dengan aturan yang berlaku di lingkungan Universitas Indonesia. Guna memudahkan user yang ingin memanfaatkan sistem ini, maka manual penggunaan sistem juga telah disediakan dan dapat di download langsung melalui interface sistem ini.

Selama penelitian, entri data yang telah dilakukan meliputi 297 data *strain* (Gambar 2) dan 195 data sekuen (Gambar 3) yang juga telah dilengkapi dengan data fenotipik. Beberapa data koleksi yang ada juga dilengkapi dengan foto dari koleksi biakannya. Aplikasi sistem *database* ini juga dilengkapi dengan fasilitas *sequence homology search* dengan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST). Dengan demikian, pengguna dapat melakukan proses pencarian homologi sekuen data yang dimilikinya terhadap data sekuen koleksi UICC. Sebagai tambahan informasi terhadap koleksi biakan yang dimiliki oleh UICC, maka pengguna dapat pula melihat galeri dari foto-foto koleksi biakan yang ada. Sedangkan petunjuk penggunaan (manual) dapat diperoleh (*download*) melalui situs <http://152.118.162.250/bio/>.

Pengumpulan data isolat khamir dilakukan dari penelitian-penelitian terdahulu [11-14] sampai pada penelitian ini. Saat ini sebanyak 297 isolat khamir telah dideskripsi secara fenotipik, yaitu berdasarkan pada karakter-karakter morfologi, fisiologi dan biokimia, dan secara genotipik sebanyak 195 isolat yaitu data sekuen daerah D1/D2 dari gen *Large subunit ribosomal RNA* (LSU rRNA) dan atau daerah ITS, dan analisis filogenetik. Identifikasi isolat-isolat khamir menggunakan buku *The Yeast, a Taxonomic Study Edisi 4* oleh Kurtzman dan Fell [15]. Spesies yang sama umumnya memiliki tidak kurang dari 1% perbedaan nukleotida pada domain D1/D2 LSU rDNA [16]. Saat ini, data sekuen untuk domain D1/D2 LSU rDNA dari hampir seluruh spesies khamir yang terdeskripsi di dunia sudah tersimpan di dalam *DNA database* internasional seperti *DDBJ*, *EMBL*, dan *Genbank*. Melalui akses ke *DNA database* tersebut memungkinkan peneliti untuk mengetahui apakah sekuen dari suatu isolat adalah sekuen dari spesies yang sudah pernah dideskripsi di dunia atau spesies baru. Pengembangan *database DNA* dan koleksi biakan mikroorganisme indigenos Indonesia memungkinkan peneliti untuk mengetahui homologi sekuen isolat yang dimilikinya terhadap sekuen dari koleksi biakan yang ada di UICC.

#### 4. Kesimpulan

Dengan dibangunnya *database UI Bioinfo*, Universitas Indonesia akan menjadi salah satu pusat layanan informasi biodiversitas mikroorganisme Indonesia, yaitu dengan memberikan pelayanan pencarian katalog koleksi biakan UICC secara *online* dan pelayanan pencarian homologi data sekuen melalui program *BLAST* (*Basic Local Alignment Search Tool*).

## Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Universitas Indonesia melalui hibah penelitian Riset Unggulan Universitas Indonesia 2003/2004 Direktorat Riset dan Pengabdian Masyarakat Universitas Indonesia yang telah mendanai penelitian ini. Penulis mengucapkan terima kasih banyak kepada T. Ahmad Danial, Fie Na, Ahmad Furqon, Faisal Dwiutama, dan Luwice Ma'luf. Penulis juga menyampaikan ucapan terima kasih kepada Dekan FMIPA, Kepala Departemen Biologi, Kepala Departemen Matematika, dan Kepala Lab. Mikrobiologi Departemen Biologi atas dukungan fasilitas yang diberikan selama penelitian berlangsung.

UI Bioinfo  
home • search • catalog • BLAST • gallery • help • manual

back print

**Metschnikowia reukaufii**

UICC Accession Number : UICC Y-335  
Isolate Number : ID03-0093

**Metschnikowia reukaufii**, Pitt & M.W. Miles (1968)  
Synonym : *Candida reukaufii* (Gr'ns) Diddens & Lodder (1942), *Chlamydozyma reukaufii* (Wickerham (1964a)), *Candida rancencis* (Ramirez & Gonzalez (1964h))

Origin of strain : Flowers of Saurauia pendula.  
Locality : Taman Botani Cibodas, Jawa Barat, Indonesia.

View sequence data : [LSU Region - ITS Region](#)  
View phenotype data : [phenotype](#)

UI Bioinfo, Gateway to Indonesian Microbial Diversity

Gambar 2. Tampilan data strain

-----  
MEDLINE

FEATURE Location/Qualifiers  
source 1..480  
/organism="Rhodotorula mucilaginosa UICC Y-151"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="UICC Y-151"  
/db\_xref=" "

rRNA <1..> 480  
/product="26S ribosomal RNA"

ORIGIN Base Count : a = 87 c = 60 g = 130 t = 68

```

1  ggcgacgagg aaractcaat taaactggsm ctggggctcg gntgtawctc tgaagkty
61  cgcgctggcg cmcaactgtg tgguaamgg attedrgggg gccccasrwd ggggggggac
121  crasvttktg gtaawtbbn gcaamcittt kttggggkq amvccanar ggggggawvc
181  cyyyyaavmb mawvvdggs ggggvccgyc adsegmaach cegtgggga artgaaasac
241  ttggaaagag agttacagta cgtgaaatg ttgaaagga acgattgaag tcaagcttgc
301  ttggcgagca atcgggtttg carggagca tcaattttcc gggatggrwa awgaaaranr
361  agaaggtagc agttcgccgc gqgtwaaac bctcyyctgc gaaaaahcat tgggggmct
421  gkdggaaagv mdkkkkgcct ttgcmstggg gkktctgac tcttvyaaac ttvaarabag

```

View strain data for this entry [new window](#)

UI Bioinfo, Gateway to Indonesian Microbial Diversity

Gambar 3. Tampilan data sekuen

## Daftar Acuan

- [1] D. L. Hawksworth, Mycological Research 98 (1991) 641.
- [2] D. Yarrow, In: C.P.Kurtzman, J.W. Fell (Eds.), The Yeasts, a Taxonomic Study, 4th ed., Elsevier, Amsterdam, 1998, p. 77.
- [3] W. Sjamsuridzal, A. Oetari, Hayati 10 (2003) 122.
- [4] R. R. Gutell, G. Fox, Nucleic Acids Res. 16 (1988) r175.

- [5] T. J. White, T. Bruns, S. Lee, J. Taylor, In: M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, T. J. White (Eds.), PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press Inc., New York, 1990, p. 3152.
- [6] Altschul, F. Stephen, L.M. Thomas, A. A. Schaffer, J. Zhang, Z. Zhang, W. Miller, D. J. Lipman, Nucl. Acids Res. 25 (1997) p. 3389.
- [7] J. D. Thompson, D. G. Higgins, T. J. Gibson, Nucleic Acids Res. 22 (1994) 4673.
- [8] M. Kimura, J. Mol. Evol. 16 (1980) 111.
- [9] N. Saitou, M. Nei, Mol. Biol. Evol. 4 (1987) 406.
- [10] J. Felsenstein, Evolution 39 (1985) 783.
- [11] W. Sjamsuridzal, A. Oetari, Report of the 8th Indonesia Toray Science Foundation-Science and Technology Research Grant, Departemen Biologi FMIPA Universitas Indonesia, Depok, 2002.
- [12] W. Sjamsuridzal, Laporan Kemajuan Tahap III Riset Unggulan Terpadu (RUT) IX Tahun Anggaran 2003, KRT dan LIPI, Jakarta, 2003.
- [13] W. Sjamsuridzal, Report of the Nagao Natural Environment Foundation Research Grant , 2004.
- [14] W. Sjamsuridzal, A. Oetari, C. Nakashima, R. Fauzi, A. Kanti, R. Saraswati, Y. Widyastuti, K. Ando, The 9th National Congress of Indonesian Society for Microbiology and 3rd Asian Conference for Lactic Acid Bacteria, Bali, Indonesia, 2005.
- [15] C.P. Kurtzman, J.W. Fell, The Yeasts, a Taxonomic Study, 4th ed. Amsterdam, Elsevier, 1998.
- [16] J. W. Fell, T. Boekhout, A. Fonseca, G. Scorzetti, A. Stazzell-Tallman, Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 50 (2000) 1351.

