

**KERAGAMAN DAN KARAKTERISASI ISOLAT MIKROBA  
DARI FESES RUSA MENGGUNAKAN ANALISIS  
KONVENSIONAL DAN METAGENOMIK**

**SKRIPSI**

**ASHARIAH HAPILA  
I111 15 310**



**FAKULTAS PETERNAKAN  
UNIVERSITAS HASANUDDIN  
MAKASSAR  
2020**



**KERAGAMAN DAN KARAKTERISASI ISOLAT MIKROBA  
DARI FESES RUSA MENGGUNAKAN ANALISIS  
KONVENSIONAL DAN METAGENOMIK**

**SKRIPSI**

**ASHARIAH HAPILA  
I111 15 310**

**Skripsi Sebagai Salah Satu Syarat untuk Memperoleh  
Gelar Sarjana Peternakan  
pada Fakultas Peternakan Universitas Hasanuddin**

**FAKULTAS PETERNAKAN  
UNIVERSITAS HASANUDDIN  
MAKASSAR  
2020**



## PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama : Ashariah Hapila

Nim : I111 15 310

menyatakan dengan sesungguhnya bahwa skripsi yang saya tulis dengan judul: **Keragaman dan Karakterisasi Isolat Mikroba dari Feses Rusa Menggunakan Analisis Konvensional dan Metagenomik** adalah asli.

Apabila sebagian atas atau seluruhnya dari karya skripsi ini tidak sesuai atau plagiasi saya bersedia dikenakan sanksi akademik sesuai peraturan yang berlaku.

Demikian pernyataan ini dibuat untuk dapat digunakan sebagaimana mestinya.

Makassar, 13 Juli 2020

Peneliti



Ashariah Hapila



## HALAMAN PENGESAHAN

Judul Penelitian : Keragaman dan Karakterisasi Isolat Mikroba dari Feses Rusa Menggunakan Analisis Konvensional dan Metagenomik  
Nama : Ashariah Hapila  
Nomor Induk Mahasiswa : I111 15 310

Skripsi ini telah diperiksa dan disetujui oleh :

  
Marhamah Nadir, S.P., M.Si., Ph.D  
Pembimbing Utama

  
drh. Kusumandari Indah Prahesti, M.Si  
Pembimbing Anggota



  
Dr. Ir. Muh. Ridwan, S.Pt., M.Si  
Ketua Program Studi



## KATA PENGANTAR

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Alhamdulillah Rabbil Alamin, puji syukur senantiasa penulis panjatkan kepada ALLAH Subhanahu wa Ta'ala, karena dengan segala berkah, kehendak, rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan penelitian hingga penyusunan tugas akhir yang berjudul “**Keragaman dan Karakterisasi Isolat Mikroba Dari Feses Rusa Menggunakan Analisis Konvensional dan Metagenomik**” sebagai salah satu syarat memperoleh gelar sarjana pada Fakultas Peternakan Universitas Hasanuddin. Shalawat dan salam tak lupa penulis haturkan pada Nabiullah Muhammad Shallallahu'Alaihi Wa Sallam sebagai Qudwah terbaik bagi ummat manusia.

Skripsi ini penulis persembahkan kepada kedua orang tua, ayahanda **Drs. H. Rukman Pala, M.AP** dan Ibunda **Hj. A. Rahmatia AP, S.S** serta adik **Nur Alfitra Mappunna** yang telah mencurahkan kasih sayang, lantunan doa kesuksesan penulis di setiap shalatnya. Dukungan baik spiritual maupun materil, keikhlasan dalam merawat dan mendidik penulis sampai saat ini

Terima kasih tak terhingga kepada Ibu **Marhamah Nadir, S.P., M.Si., Ph.D** selaku pembimbing utama yang telah meluangkan waktunya untuk memberikan bimbingan dan arahan selama penelitian dan ibu **drh. Kusumandari Indah Prahesti, M.Si** sebagai pembimbing anggota yang telah meluangkan waktunya untuk memberikan bimbingan dan arahan selama pelaksanaan penelitian.

Dengan segala kerendahan hati, penulis ingin menyampaikan pula terima kasih serta penghargaan yang setinggi tingginya kepada ;

1. Ibu Rektor UNHAS (Prof. Dwia Aries Tina Pulubuhu M.A.), Bapak Dekan Fakultas Peternakan UNHAS periode 2015-2019 dan periode 2019-2022 (Prof. Dr. Ir. Sudirman Baco, M.Sc. dan Prof. Dr. Ir. Lellah Rahim, M.Sc) dan Wakil Dekan

pada bidang kemahasiswaan (Prof. Dr. Ir. Jasmal A. Syamsu, M.Si) yang support penulis selama mengikuti aktivitas non akademik.



2. Bapak Prof. Dr. Ir. Ismartoyo, M.Agr.S dan Ibu Dr. Ir. Syahriani Syahrir, M.Si., sebagai pembahas yang telah memberikan masukan dalam proses perbaikan tugas akhir ini.
3. Bapak Prof. Dr. Ir. Ambo Ako, M.Sc selaku penasehat akademik yang senantiasa memberikan arahan dan motivasi kepada penulis selama berada di bangku perkuliahan.
4. Bapak Prof. Dr. Ir. Asmuddin Natsir, M.Sc; Dr. Syahdar Baba, S.Pt., M.Si ; Muhammad Rachman Hakim, S.Pt., M.P. yang selalu memberikan bimbingan, motivasi, dan dukungan moril kepada penulis di setiap langkah dalam mengikuti kegiatan-kegiatan kemahasiswaan dan Ibu drh. Farida Nur Yuliati, M.Si; dan Dr. Agustina Abdullah, S.Pt., M.Si yang senantiasa memberikan penguatan emosional dan nasihat kepada penulis.
5. dr.Munawir Muhammad, M.Kes yang telah membantu dan mendampingi penulis selama proses penelitian.
6. *My unbiological sister* Sri Fadhilayanti Yunus, S.Pt; Nurul Iqamah Alam S.Pt; Fajriani Mutmainnah; Nursida, S.Pt dan Enggar Budi Arum, S.Pt yang telah memberi warna pelangi di kehidupan perkuliahan penulis, menjadi *supporting system* di setiap langkah dan kegiatan penulis, serta kebersamai setiap momen suka ataupun duka.
7. Tri Puspita Roska, S.Si; Asdania dan Nuaemah Badrah yang senantiasa memberikan nasihat dan semangat kepada penulis, mengajarkan penulis arti lelah karena lillah dan memberikan penguatan ruhiyah kepada penulis.
8. Akhwat-akhwat Kakanda Nurjannah, S.Pt; Eva Rosdiana, S.S; Adinda Nurjannah, Asmawati Nur Salam dan teman-teman Tarbiyah menuju jannah serta LDF An-Nahl dan kakak Rumah Qurani Imam Bukhari yang selalu memberikan nasehat dalam kebaikan dan penguatan ruhiyah untuk selalu istiqomah di jalan-Nya.
9. Muthiah Nur Afifah, S.Ked; Jusman S.Pt; Abd. Hanif Fatwah S.Pt; dr. Nur Irma Safitri dan A. Dewi Fatmaratih, S.Farm yang telah meluangkan waktu dan tenaga untuk membantu penulis selama proses penelitian.



Nurul Arfiani yang telah menjadi partner berkarya untuk penulis selama masa-masa perkuliahan.

11. Teman-teman asisten Laboratorium Mikrobiologi dan Kesehatan Ternak, yang memberikan salah satu pengalaman terbaik bagi penulis di bangku perkuliahan.
12. Rekan-rekan sejawat Rantai 2015, khususnya Peternakan B yang telah memberikan warna di kehidupan perkuliahan penulis.
13. Teman-teman Akademi Mapres Unhas, Warung Sains dan Teknologi, Poultry Indonesia, CPBSA Batch II, Kabinet Keluarga 17/19 MITI-KM dan Kabinet Continuous Improvement 19/21 MITI-KM, KKN Unhas Gel.100 khususnya Bonja Squad dan IKA SMUDAMA terkhusus pada ASTRO SMUDAMA atas segala dukungan yang diberikan selama menjalani penelitian.
14. Pihak Pemprov Sulsel, Pemkab Gowa, KEMENRISTEK DIKTI dan Pihak Charoen Pokphand Indonesia yang telah memberikan beasiswa untuk penulis sehingga dapat memenuhi kebutuhan perkuliahan. Serta rekan lainnya telah memberi andil kepada penulis dalam penyelesaian skripsi ini mohon maaf dan terima kasih atas segala bantuannya.

Skripsi ini masih jauh dari kata sempurna. Namun penulis telah berusaha untuk mempersembahkan yang terbaik dengan rangkaian penelitian yang didedikasikan untuk pengembangan ilmu mikrogenomik di bidang peternakan kedepannya.

Akhir kata, semoga Allah SWT melimpahkan Rahmat-Nya kepada kita, dan Tugas Akhir ini dapat memberikan manfaat bagi semua pihak yang berkepentingan dan membutuhkan

Makassar, 13 Juli 2020



Ashariah Hapila



## ABSTRAK

**ASHARIAH HAPILA. I111 15 310.** Keragaman dan Karakterisasi Isolat Mikroba dari Feses Rusa Menggunakan Analisis Konvensional dan Metagenomik. Dibawah Bimbingan **Marhamah Nadir** dan **Kusumandari Indah Prahesti**.

Kelimpahan relatif adalah proporsi yang dipresentasikan oleh masing-masing spesies dari seluruh individu dalam suatu komunitas. Untuk mengetahui kelimpahan relatif mikroba pada rusa dapat dilakukan melalui deteksi keragaman pada feses. Deteksi keragaman akan dilakukan menggunakan dua metode yakni analisis konvensional dan metagenomik. Pengambilan sampel dilakukan di Penangkaran Rusa Fakultas Peternakan Universitas Hasanuddin. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan September 2019 – Februari 2020 di beberapa tempat antara lain isolasi dan identifikasi jamur di Laboratorium Mikrobiologi Hewan Universitas Hasanuddin, isolasi dan identifikasi bakteri di Laboratorium Mikrobiologi Klinik Universitas Hasanuddin, isolasi DNA di Laboratorium Biologi Molekuler Universitas Hasanuddin, analisis metagenomik di MacroGen Inc, Korea. Tahap yang dilakukan pada isolasi jamur yakni pembuatan media, isolasi dan identifikasi secara makroskopis. Sedangkan, Isolasi bakteri antara lain isolasi dan identifikasi menggunakan uji vitek, morfologi dan katalase. Analisis metagenomik melalui tahap isolasi DNA dan pengambilan purity DNA. Hasil penelitian dari analisis konvensional ditemukan jamur *Actinomyces* serta beberapa bakteri antara lain *Klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae*, *Escherichia fergusonii*, *Staphylococcus gallinarum* kemudian hasil uji morfologi dan katalase diduga *Listeria sp.* Hasil dari analisis metagenomik yakni persentase keragaman bakteri pada feses rusa antara lain untuk tingkat filum yakni Firmicutes (68,547%) dan Bacteroidetes (23,356%). Tingkat famili didominasi oleh Ruminococcaeae (30,959%) dan Lachnospiraceae (11,398%). Tingkat genus adalah Ruminococcus (5,65%). Perbedaan keragaman bakteri pada analisis konvensional dan metagenomik dipengaruhi oleh prinsip metode yang digunakan, pada analisis konvensional hanya mampu identifikasi bakteri yang dapat dikulturkan sedangkan analisis metagenomik identifikasi bakteri berdasarkan basis data DNA pada sekuens mikroba

**Kata Kunci :** DNA, Feses, Metagenomik, Mikroba, Rusa.





## ABSTRACT

**ASHARIAH HAPILA. I111 15 310.** Diversity and Characterization of Microbial Isolates from Deer Stool Using Conventional and Metagenomic Analysis. Under the supervision of **Marhamah Nadir** (Main Supervisor) and **Kusumandari Indah Prahesti** (Cosupervisor).

Relative abundance is the proportion represented by each species of all individuals in a community. To determine the relative abundance of microbes in deer, detection of diversity in feces. Diversity detection was carried out using conventional and metagenomic analysis. Sampling was conducted at the Deer Breeding Faculty of Animal Husbandry, Hasanuddin University. This research was conducted in September 2019 - February 2020 in several places including isolation and identification of fungi in the Laboratory of Animal Microbiology, Hasanuddin University; isolation and identification of bacteria in the Clinical Microbiology Laboratory, Hasanuddin University; DNA isolation in Laboratory of Molecular Biology, University of Hasanuddin; metagenomic analysis at Macrogen Inc., Korea. The steps of the fungus isolation consist of the making of media, isolation and macroscopic identification. Bacterial isolation consist of isolation and identification using vitek, morphology and catalase tests. Metagenomic analysis consist of DNA isolation and DNA purity uptake. The results of the conventional analysis showed that Actinomycetes fungus and some bacteria as well as *Klebsiella pneumoniae* ssp *pneumoniae*, *Escherichia fergusonii* were founded, while *Staphylococcus gallinarum* and morphological test results and catalase allegedly *Listeria* sp. The results of the metagenomic analysis indicated that the percentage of bacterial diversity in deer feces, among others for the phylum level namely Firmicutes (68.547%) and Bacteroidetes (23.356%). The family level is dominated by Ruminococcaeae (30,959%) and Lachnospiraceae (11,398%), the genus rate is Ruminococcus (5.65%). The difference in bacterial diversity in conventional and metagenomic analysis is influenced by the principle of the method used. Conventional analysis is only able to identify bacteria that can be cultured, while the metagenomic analysis of bacterial identifi bacterial based on DNA databases on microbial sequences.

**Keywords:** *DNA, Stool, Metagenomic, Microbial, Deer.*



## DAFTAR ISI

	<b>Halaman</b>
Daftar Isi .....	x
Daftar Tabel .....	xii
Daftar Gambar.....	xii
Daftar Lampiran .....	xiv
PENDAHULUAN .....	1
TINJAUAN PUSTAKA .....	4
Rusa Totol.....	4
Pakan Rusa.....	6
Mikroba Feses .....	8
Analisis Metagenomik .....	9
METODE PENELITIAN.....	12
Waktu dan Tempat Penelitian.....	12
Materi Penelitian .....	12
Prosedur Penelitian .....	13
Isolasi Mikroba .....	13
Analisis Biomolekuler .....	16
Parameter Penelitian .....	16
Analisis Data .....	17
Alur Penelitian .....	17
HASIL DAN PEMBAHASAN.....	18
Isolasi dan Identifikasi Jamur .....	18
Isolasi Bakteri dari Feses Rusa .....	19
Karakteristik Bakteri .....	19
<i>klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae</i> .....	21
<i>Eschericia fergusonii</i> .....	22
<i>Staphylococcus gallinarum</i> .....	23
<i>Listeria sp.</i> .....	23
Hasil Analisis Metagenomik.....	24
Pembahasan.....	26
KESIMPULAN DAN SARAN.....	28
Kesimpulan .....	28
Daftar Pustaka .....	28
Daftar Pustaka .....	29
Daftar Pustaka .....	34





## DAFTAR TABEL

No.	Halaman
1. Isolat dan Pewarnaan Gram .....	20
2. Jumlah Pembacaan <i>Sequencing</i> pada feses rusa .....	24
3. Kelimpahan Relatif Populasi Mikroba dari Feses Rusa.....	25



## DAFTAR GAMBAR

No.	Halaman
1. Koloni <i>Actinomyces</i> tampak berbentuk bulat dengan permukaan bertepung.....	18
2. Koloni <i>Klebsiella pneumoniae</i> ssp <i>pneumoniae</i> tampak berwarna merah muda mukoid pada medium <i>Mac Conkey</i> .....	21



## DAFTAR LAMPIRAN

No.	Halaman
1. Hasil Uji Morfologi dan Vitek .....	33
2. Hasil Uji Morfologi dan Katalase .....	35
3. Kelimpahan Relatif Populasi Mikroba Pada Tingkat Filum (level 2) .....	36
4. Kelimpahan Relatif Populasi Mikroba Pada Tingkat Famili (level 5).....	37
5. Kelimpahan Relatif Populasi Mikroba Pada Tingkat Genus (level 6).....	38
6. Dokumentasi Penelitian .....	39



## PENDAHULUAN

Mikrobiota dapat dianggap sebagai komunitas mikroorganisme (bakteri, virus, arkae dan beberapa eukariota uniseluler) yang hidup dalam suatu lingkungan spesifik. Dengan menganggap tubuh ruminansia sebagai sebuah lingkungan, maka mikrobiota pada tubuh ruminansia merupakan keseluruhan komunitas mikroorganisme yang hidup pada permukaan dan beberapa lokasi anatomis dalam tubuh hewan. Komunitas mikroorganisme ini berperan penting dalam fisiologi tubuh, perkembangan sistem pencernaan dan sistem kekebalan, serta reaksi detoksifikasi.

Salah satu hewan yang tergolong kedalam ruminansia adalah rusa. Selain tergolong ke dalam ruminansia rusa juga tergolong ke dalam hewan satwa. Usaha pelestarian rusa telah banyak dilakukan melalui penangkaran di kebun-kebun binatang dan Taman Safari Indonesia, begitupun di Fakultas Peternakan Universitas Hasanuddin. Penangkaran rusa Fakultas Peternakan Universitas Hasanuddin memelihara rusa yang memiliki spesies rusa totol (*Axis axis*) sejak tahun 2012.

Beberapa faktor yang menjadi kelangsungan hidup bagi hewan satwa seperti rusa antara lain, kebutuhan pakan, iklim, dan kemampuan adaptasi terhadap lingkungan. Proses pencernaan pada satwa ruminansia sangat kompleks, karena melibatkan interaksi yang dinamis antara makanan, mikroba dan hewan tersebut (Sita dan Aunurohim, 2013). Mikroba seperti di dalam rumen berperan dalam

adasi komponen serat, sehingga mikroba rumen memiliki peranan penting proses penyediaan energi bagi ruminansia. Untuk mengetahui keadaan pada rusa dapat dilakukan deteksi keragaman melalui feses.



Dengan mengetahui keberadaan mikroba feses rusa dan bagaimana interaksinya di dalam suatu ekosistem pada pencernaan akan banyak membawa manfaat, salah satunya adalah strategi formulasi pakan yang efisien sehingga dapat meningkatkan produktivitas ternak. Berdasarkan penelitian sebelumnya oleh Ervin *et al.* (2010) mengenai konsentrasi mikroba bahan tinja melalui *Microbial Source Tracking* pada feses manusia, ruminansia, hingga unggas dan memperoleh konsentrasi bahan tinja yang beragam bergantung pada metode yang digunakan. Adapun nilai konsentrasi feses rusa lebih besar dibandingkan dengan feses sapi.

Selanjutnya Natsir *et al.* (2018) melaporkan keragaman mikroba pada rumen kerbau bahwa teridentifikasi dua filum dominan yakni bacterioidetes dan firmicutes. Sedangkan pada tingkat kelas didominasi oleh *Prevotella*, kemudian *Christensenellaceae R-7*, *Rikenellaceae RC9*, dan *Ruminococcaceae NK4A214*. Sehingga, kondisi rumen yang optimal pada hewan dapat berkontribusi pada keragaman bakteri rumen pada kerbau, dengan menggunakan teknik pengurutan Illumina.

Dekade terakhir paradigma identifikasi dan karakterisasi mikroba mulai beralih dari metode kultur konvensional mengarah kepada pendekatan molekuler, penelitian sebelumnya pun menggunakan metode yang beragam dimulai dari *wet-mass* hingga rt-PCR. Penelitian ini akan melakukan identifikasi mikroba dengan menggunakan analisis metagenomik. Teknik evaluasi nutrisi dengan pendekatan metagenomik menjadi suatu harapan masa depan agar segala kendala budidaya

ampu lebih cepat dan akurat teratasi. Analisis metagenomik ini dianggap  
ggul dalam mengidentifikasi mikroba pada feses sebab beberapa hal





diantaranya : mikroba tidak perlu dikultur karena dapat diidentifikasi berdasarkan urutan spesifik basa DNA, hasil identifikasi lebih cepat dan beragam hingga ke tingkat genus dan jumlah sampel yang digunakan sangat sedikit.

Analisis metagenomik merupakan pengembangan teknik molekuler konvensional dalam identifikasi mikroba tertentu. Perbedaan yang mendasar adalah pada cakupan pembacaan sekuens DNA sebagai informasi genetik dapat secara lebih lengkap, detail dan akurat. Tidak hanya sekedar profil urutan DNA bakteri, aktivitas fungsionalnya dalam proses metabolisme zat makanan dalam tubuh ternak dapat diprediksi dengan akurat. Dengan kata lain, hasil sekuens tidak lagi bersifat parsial namun berupa data lengkap yang memberikan gambaran tentang komposisi mikroorganisme yang mendiami lingkungan / saluran pencernaan ternak.

Aplikasi metagenomik dalam evaluasi nutrisi bermanfaat untuk mengetahui secara detail mikroba yang terlibat dalam proses pencernaan zat makanan, bagaimana proses metabolisme itu terjadi dan enzim yang terlibat melalui jalur metabolisme tertentu. Parameter ini akan bermanfaat dalam menentukan strategi nutrisi misalnya dalam formulasi pakan dan perlakuan untuk meningkatkan performa ternak. Untuk mengetahui keragaman dan karakterisasi mikroba dapat dilakukan deteksi keragaman pada feses rusa. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk deteksi keragaman mikroba pada feses rusa.



## TINJAUAN PUSTAKA

### Rusa Totol

Rusa merupakan salah satu jenis satwa yang termasuk dalam Bangsa (Ordo) Artiodactyla, Anak Bangsa (Subordo) Ruminansia dan Suku (Family) *Cervidae*. Suku *Cervidae* terbagi atas 6 Anak Suku (Subfamily), yaitu *Rangiferinae*, *Alcinae*, *Hidropotinae*, *Muntiacinae*, *Odocilinae*, dan *Cervinae*. Umumnya, pembahasan tentang rusa biasanya semua jenis satwa yang termasuk dalam Suku *Cervidae*. Saat ini diketahui tidak kurang dari 16 marga (genus), 38 jenis (spesies), dan 189 anak jenis (subspesies) rusa yang tersebar ke seluruh dunia, mulai dari daerah beriklim dingin di daratan Eropa hingga ke daerah subtropis dan tropis di daratan Asia. Hanya Benua Afrika yang sesuai dengan sebaran aslinya tidak memiliki keluarga rusa. Ukuran tubuh rusa dewasa bervariasi dari yang terbesar sebesar sapi muda, hingga yang terkecil sekecil anak kambing (Ichsan, 2018).

Rusa merupakan salah satu hewan mamalia besar yang perlu dikonservasi untuk menjaga kelestariannya agar populasinya tidak semakin menurun, namun perkembangannya mengalami beberapa hambatan disebabkan rusa merupakan salah satu target perburuan liar. Perburuan tersebut menyebabkan populasi rusa dan juga kemampuan berkembang biak alami menurun. Berbagai perubahan iklim dan perburuan menyebabkan rusa menjadi salah satu hewan yang perlu dilindungi (ini, 2009).



Aktivitas harian rusa di Indonesia ditempatkan dalam sebuah penangkaran yang bertujuan untuk meningkatkan kesadaran masyarakat terhadap upaya pemanfaatan yang selaras dengan azas pelestarian, dan mampu memperbanyak populasi melalui pengembangbiakan, dengan tetap mempertahankan jenis sehingga bisa dimanfaatkan (Izlina dkk., 2012).

Habitat alami rusa terdiri atas beberapa tipe vegetasi seperti savana yang dimanfaatkan sebagai sumber pakan dan vegetasi hutan yang tidak terlalu rapat untuk tempat bernaung atau istirahat, kawin, dan menghindarkan diri dari predator. Hutan sampai ketinggian 2.600 meter dpl dengan padang rumput merupakan habitat yang paling disukai oleh rusa (Garsetiasih dan Takandjandji 2006).

Rusa totol (*Axis axis*) merupakan salah satu spesies rusa yang tinggal di daerah tropis yang disebut *indian deer*, *spotted deer* atau *chital deer*. Jenis rusa totol ini berasal dari India, Nepal, Sikkim dan Sri Lanka. Klasifikasi rusa totol (*Axis axis*) termasuk dalam kingdom Animalia, filum Chordata, sub filum Vertebrata, kelas Mammalia, sub kelas Eutheria, ordo Artiodactyla, sub ordo Ruminansia, famili Cervidae, sub famili Cervidae, genus *Axis* dan spesies *Axis axis* (Hasna, 2015).



Rusa Totol (*Axis axis*) secara taksonomi termasuk dalam (Fajri, 2004) :

Phyllum : Chordata  
Sub Phyllum : Vertebrata  
Classis : Mammalia  
Order : Artiodactyla  
Sub Order : Ruminansia  
Familia : Cervidae  
Sub Familia : Cerviae  
Genus : Axis  
Species : *Axis axis*  
Nama lokal : Rusa Totol, Uncal (Sunda), Chital (India)

### **Pakan Rusa**

Pakan merupakan salah satu aspek yang sangat penting, keberhasilan penangkaran ditentukan oleh kondisi pakan yang dikonsumsi rusa. Tingkat konsumsi adalah jumlah pakan yang dikonsumsi oleh satwa. Konsumsi adalah jumlah pakan yang dimakan satwa yang digunakan untuk mencukupi kebutuhan hidup pokok dan produksi. Jumlah konsumsi berat tiap pakan dan urutan preferensi merupakan ukuran kemampuan rusa dalam memilih pakan yang disukai. Preferensi pakan pada rusa sebagai hewan langka perlu ditentukan guna mengetahui jenis bahan yang paling disenangi (Indriyani dkk., 2017).

Satwa mengonsumsi makanan terutama untuk memenuhi kebutuhan salah satu zat makanan yang diperlukan untuk menambah berat badan protein (Kastalani, 2013). Semiadi dkk. (2008) mengatakan bahwa dari hasil penelitian yang ada setidaknya 60 % membicarakan aspek biologi



umum (taksonomi, sebaran, perilaku, habitat, *breeding* dan genetik) dan 40 % aspek yang mengarah pada kepentingan (produksi, pakan, reproduksi dan kesehatan).

Pakan utama rusa adalah hijauan berupa rumput-rumputan dan daun-daunan. Jenis ini umumnya mengandung energi yang rendah, sehingga perlu ditambahkan pakan konsentrat. Dedak padi dapat digunakan sebagai pakan konsentrat yang mengandung energi dan disukai rusa. Pemberian daun beringin, daun kabesak, dan daun turi yang dicampur dengan rumput lapangan tidak berpengaruh nyata terhadap pertambahan bobot badan, konsumsi air, konversi ransum, tinggi pundak, panjang badan, lingkaran dada, dan daya cerna rusa di penangkaran (Garsetiasih dkk., 2003).

Pakan utama rusa adalah daun-daunan dan rumput-rumputan. Nilai gizi yang terkandung dalam hijauan tersebut, seperti protein dan energi, relatif rendah sehingga perlu ditambahkan pakan konsentrat berupa jagung untuk mencukupi kebutuhan gizi rusa. Pakan konsentrat biasanya disukai oleh rusa dan mengandung cukup energi sehingga dapat meningkatkan pertumbuhan rusa (Garsetiasih, 2007).

Produktivitas hijauan rumput diketahui dengan cara pemotongan dan penimbangan rumput pada petak yang dipagar. Interval waktu pemotongan selama 20 hari dengan dua kali ulangan. Untuk mengetahui tingkat palatabilitas pakan, dilakukan pengamatan terhadap bekas gigitan rusa pada rumput dalam 20 petak contoh pengamatan, selanjutnya dilakukan pengambilan sampel rumput untuk dianalisis kandungannya. Data vegetasi dianalisis dengan indeks nilai penting

$DR + KR + FR$ . Konsumsi pakan rusa total per hari digunakan data dan pakan sebanyak 3 kg/hari (Alikodra, 1990).



## Mikroba Feses

Feses merupakan bahan buangan yang dikeluarkan tubuh melalui anus. Feses umumnya terdiri dari air residu yang terserap dari sekresi gas intestinal, kelupasan dari epitel saluran pencernaan, garam-garam anorganik dan mikrobial (Sudana, 1996).

Feses segar adalah feses yang baru saja dijatuhkan atau dikeluarkan oleh rusa. Feses pada fase ini memiliki ciri-ciri masih berwarna hitam kehijau-hijauan, permukaannya mengkilat, aroma yang tercium keras, berlendir dan bila ditekan masih lembek. Sedangkan mengering adalah feses yang telah kering pada bagian luar tetapi pada bagian dalamnya masih basah (Subadkk, 2010).

Feses pada fase ini biasanya berwarna coklat kehitam-hitaman, bila ditekan akan susah untuk hancur. Feses mengering akibat terkena panas matahari dan akan mengalami perubahan yang sangat drastis. Feses menjadi lebih cepat kering dan permukaannya menjadi pecah-pecah. Namun pada keadaan normal atau cuaca yang stabil waktu yang dibutuhkan hingga dua minggu. Saat hujan, feses akan menjadi lembek kembali (Subadkk, 2010).

Kotoran pada ruminansia masih memiliki banyak kandungan mikroba yang ikut terbawa pada feses yang dihasilkan. Hasil analisis yang dilakukan oleh Bai *et al.* (2012) menyebutkan bahwa total mikroba kotoran sapi mencapai  $3.05 \times 10^{11}$  cfu/gr dan total fungi mencapai  $6.55 \times 10^4$  . Komposisi mikroba dari feses mencakup  $\pm 60$  spesies bakteri (*Bacillus sp.*, *Vigna sinensis*, *Corynebacterium sp.*,

*obacillus sp.*), jamur (*Aspergillus sp.* dan *Trichoderma sp.*),  $\pm 100$  spesies dan ragi (*Saccharomyces* dan *Candida*). Bakteri yang terdapat pada feses



mayoritas jenis bakteri fermentor selulosa, hemiselulosa, dan pektin. Kotoran sapi terdiri dari serat tercerna, beberapa produk terekskresi berasal dari empedu (pigmen), bakteri usus, dan lendir.

### **Analisis Metagenomik**

Mikroorganisme yang tidak dapat dikulturkan dengan teknik standar diperkirakan masih ada sekitar 99%. Metagenomik muncul sebagai metode baru yang dapat mempelajari genom kolektif dari anggota komunitas mikroba yang tidak dapat terkulturkan dengan teknik standar. Metode metagenomik diawali dengan isolasi DNA total dari semua mikroorganisme dalam sampel tanpa dikulturkan terlebih dahulu (Prakoso dkk., 2016).

Metagenomik merupakan suatu metode yang dapat digunakan untuk proses sekuensing tanpa melalui kultur dan analisis semua asam nukleat yang didapatkan dari sampel, metode yang potensial untuk mendeteksi mikroorganisme baik yang telah diketahui maupun yang baru. Beberapa tahun terakhir metagenomik telah terbukti sangat berguna dalam penelusuran spesies baru, bencana dan penyakit yang kompleks. Oleh karena itu metagenomik berpotensi untuk merevolusi deteksi patogen dalam laboratorium kesehatan publik. Deteksi secara simultan semua mikroorganisme dalam sampel klinik dapat dilakukan dengan metode ini (Yustikarini dkk., 2015).

Sejumlah penelitian metagenomik dari bakteri yang tidak bisa dikulturkan pada mikrobiom manusia telah berkembang pesat dan hal ini banyak dipelajari di

robiologi yang sangat potensial untuk dikerjakan di praktek klinik. S adanya infeksi bakteri dengan pendekatan metagenomik pernah



dilakukan oleh Nakamura *et al.* (2008) pada pasien yang mengalami penyakit diare. Pada penelitian tersebut digunakan pendekatan metagenomik untuk mendeteksi DNA bakteri patogen dari feses pasien selama terkena diare dan setelah sembuh. Hasil sekuensing DNA menunjukkan kesamaan terbaik dengan *Campylobacter jejuni* yang hanya terdeteksi pada sampel yang berasal dari pasien selama masa sakit.

Metagenom bukanlah ilmu baru dalam bidang bioteknologi. Hal ini dibuktikan dengan penelitian terkait yang dimulai sejak tahun 1980-an. Para peneliti saat itu mencoba meneliti gen 16srRNA dari sampel konsorsium mikroba. Gen ini menjadi penanda spesies suatu makhluk hidup dan dimiliki oleh seluruh makhluk hidup di bumi. Gen ini meskipun berasal dari spesies yang berbeda, namun banyak memiliki bagian yang homolog satu sama lain. Jadi, spesies yang sama mempunyai susunan DNA yang serupa. Semakin dekat kekerabatan makhluk hidup, maka akan semakin banyak bagian dari gen ini yang overlap atau homolog. Tujuan hasil analisis gen 16S rRNA yang relatif pendek (sekitar 1.500 bp) dari konsorsium bakteri adalah dapat mengetahui jumlah dari mikroba secara global, meskipun tidak mendapatkan informasi tentang fungsi bakteri tersebut (Nuroh, 2017).

Pada tahun 1990-an para peneliti mencoba menganalisis gen yang lebih besar dan panjang untuk mencari gen yang sesuai dengan keperluan hidup manusia. Misalnya, gen penyandi enzim fungsional yang bermanfaat untuk industri

s. Setelah sampel dari lingkungan didapat, maka total DNA dari sampel diekstraksi, dikloning dengan teknik *shotgun cloning*. Total DNA ini





dipotong acak dengan enzim pemotong DNA yang spesifik. Fragmen DNA dengan berbagai ukuran ini kemudian disambungkan random ke dalam DNA vektor dan dimasukkan ke dalam kultur *E coli*. Kemudian dipilih transforman atau klon membran sisipan fragmen DNA yang fungsional mengekspresikan enzim target. Perpaduan fragmentasi DNA total dan kloning secara random sehingga menghasilkan ribuan transforman (biasanya *E coli*) disebut dengan pustaka metagenom.

Metode pustaka metagenom ini telah membuahkan hasil seperti dilakukan oleh beberapa saintis. Tanpa harus susah payah mengisolasi satu spesies lalu mengoptimasi kultivasi isolat yang perlu waktu lama, biaya, dan tenaga. Beberapa tim peneliti berhasil menemukan gen-gen baru penyandi enzim yang bermanfaat untuk industri, seperti amilase, agarase, amidase, ataupun selulase.

