

Kelimpahan Fungi Kelas Dothideomycetes pada Lumba-lumba Hidung Botol (*Tursiops aduncus*)

(*The Abundance of Fungi Class Dothideomycetes on Bottlenose Dolphin (Tursiops aduncus)*)

Kurnia Tiara Aulia¹, Agustin Indrawati^{2*}, Safika²

¹Program Studi Mikrobiologi Medis, Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor

²Departemen Ilmu Penyakit Hewan dan Kesehatan Masyarakat Veteriner, Institut Pertanian Bogor

*Penulis untuk korespondensi: indraseta@apps.ipb.ac.id

Diterima 12 Januari 2022, Disetujui 3 Juni 2022

ABSTRAK

Mamalia laut memainkan peran ekologis penting di lautan, dan menjadi prioritas global karena kepekaan terhadap perubahan lingkungan. Lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) merupakan salah satu mamalia laut yang tersebar luas di Indonesia. Informasi mengenai mikrobioma masih sangat sedikit diketahui, terutama informasi mengenai mikrobioma fungi. Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi kelimpahan fungi kelas Dothideomycetes pada saluran pencernaan khususnya usus lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) dengan menggunakan Platform Next Generation Sequencing (NGS). Penelitian ini berhasil mengidentifikasi 6 genera dari 4 ordo yang meliputi *Neodevriesia*, *Alternaria*, *Stemphylium*, *Phaeophleospora*, *Diplodia* dan *Venturia*. Kelompok *Neodevriesia* adalah yang paling mendominasi sebesar 62%, diikuti *Alternaria* 16% dan *Phaeophleospora* 14%. Fungi yang tidak teridentifikasi mencapai 5%. Kelimpahan fungi pada usus lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) diasumsikan memiliki korelasi dengan lingkungan dan makanan lumba-lumba pada pusat konservasi.

Kata kunci: Dothideomycetes, Mikrobioma fungi, *Tursiops aduncus*

ABSTRACT

Marine mammals play an essential ecological role in the oceans and are a global priority because of their sensitivity to environmental changes. The bottlenose dolphin (*Tursiops aduncus*) is one of Indonesia's most widespread marine mammals. Information about the microbiota is still very little known, especially about the fungal microbiome. This study was conducted to identify the abundance of the class Dothideomycetes fungi in the intestines of bottlenose dolphins (*T. aduncus*) using the next generation sequencing platform (NGS). This study identified six genera from four orders: *Neodevriesia*, *Alternaria*, *Stemphylium*, *Phaeophleospora*, *Diplodia*, and *Venturia*. *Neodevriesia* group was the most dominating at 62%, followed by *Alternaria* at 16% and *Phaeophleospora* at 14%. Unidentified fungi reached 5%. The abundance of fungi in the intestines of the bottlenose dolphin (*T. aduncus*) was assumed to have a correlation with the environment and dolphin food at the conservation center.

Keywords: Dothideomycetes, Fungal microbiome, *Tursiops aduncus*

PENDAHULUAN

Mamalia laut memainkan peran ekologis penting di lautan sebagai predator puncak, konsumen primer dan sekunder, serta indikator kesehatan laut (Bik et al., 2016). Mamalia laut dianggap sebagai penjaga ekosistem laut karena keanekaragaman ekologisnya dan variabilitas yang melekat pada ekosistem laut (Oore, 2008). Mamalia laut terbagi menjadi beberapa ordo yaitu Cetacea (paus, lumba-lumba dan porpoise), Sirenia (manate dan duyung) dan Carnivora (singa laut, anjing laut, walrus, berang-berang laut dan beruang kutub) (Foote et al., 2015). Lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) termasuk ke dalam kelompok Cetacea yang keberadaannya tersebar luas di Indonesia (Indrawati et al., 2020).

Lumba-lumba memiliki profil mikrobioma yang unik dan diyakini mempengaruhi status kesehatan lumba-lumba (Robles-Malagamba et al., 2020). Mikrobioma terdiri dari semua mikroba termasuk bakteri, virus, fungi, dan protozoa (Blaser & Kirschner, 2007; Robles-Malagamba et al., 2020). Mikrobioma banyak di temukan di saluran pencernaan (Methylene et al., 2020). Bakteri dan fungi merupakan flora normal pada beberapa mamalia laut dan sebagian berperan sebagai penyebab penyakit. Penyakit merupakan penyebab utama penurunan populasi mamalia laut dan peran mikrobioma dalam penyakit telah menarik minat yang cukup besar (Nelson et al., 2015).

Beberapa penelitian terkait mikrobioma pada saluran pencernaan mamalia telah banyak dilakukan. Sebagian besar penelitian hanya berfokus pada bakteri pada saluran pencernaan lumba-lumba (Bernardes et al., 2020). Sementara informasi mengenai mikrobioma fungi pada saluran pencernaan masih sedikit diketahui. Hingga saat ini, penelitian fungi lebih berkonstrasi pada fungi yang berperan sebagai penyakit oportunistik, sedangkan peran fungi sebagai bagian dari mikrobioma komensal masih belum jelas (Kapitan et al., 2018).

Fungi merupakan bagian integral dari berbagai lingkungan mikroba termasuk usus. Akan tetapi peran ekologi fungsional mereka dalam mikrobioma usus mamalia tidak dipahami dengan baik (van Tilburg Bernardes et al., 2020). Banyak spesies fungi telah terdeteksi di usus manusia yang sehat, namun hampir setengah dari semua taksa yang dilaporkan hanya ditemukan dalam satu sampel atau satu penelitian. Fungi yang mampu tumbuh dan hidup di usus terbatas pada sejumlah kecil spesies, kebanyakan adalah *Candida* dan dalam famili Dipodascaceae (*Galactomyces*, *Geotrichum*, *Saprochaete*). *Malassezia* dan fungi *Cladosporium* berserabut adalah penjajah potensial; lebih banyak pekerjaan diperlukan untuk

memperjelas peran mereka (Hallen-adams dan Suhr, 2017).

Komunitas fungi yang berada di saluran pencernaan memberikan kontribusi penting bagi kesehatan inang (Lavrinienko et al., 2021), dan semakin diakui sebagai pemeran penting dalam pemeliharaan kesehatan dan homeostasis inang (Lai et al., 2018; Gu et al., 2019; Forbes et al., 2019). Komposisi komunitas fungi yang beragam, yang menjajah usus sangat dipengaruhi oleh inangnya, makanannya, dan asal geografisnya (Siriappagounder et al., 2018).

Ascomycota dan Basidiomycota merupakan dua filum yang paling melimpah di sepanjang saluran Gastrointestinal (Wan et al., 2018). *Candida*, *Saccharomyces*, *Fusarium*, *Debaromyces*, *Penicillium*, *Galactomyces*, *Pichia*, *Cladosporium*, *Malassezia*, *Aspergillus*, *Cryptococcus*, *Trichosporon*, dan *Cyberlindnera* merupakan genus yang paling umum terdeteksi dalam identifikasi mikrobiom (Hallen-adams dan Suhr, 2017). Banyak fungi merupakan mikroorganisme bawaan makanan yang dapat ditemukan pada makanan hewani dan nabati yang sebagai hasilnya menjadi mikrobioma sementara yang dapat mengubah komposisi mikrobiom pada usus (Hoffmann et al., 2013).

Fungi teresterial memainkan peran penting dalam siklus nutrisi dan jaring makanan serta dapat berperan sebagai parasit atau bersifat mutualisme (Heitman et al., 2019). Beberapa fungi yang diidentifikasi dari feses juga ditemukan pada makanan dan mulut (Auchtung et al., 2018). Hal ini menunjukkan bahwa makanan memiliki pengaruh besar terhadap komposisi fungi pada saluran pencernaan. Akan tetapi prevalensi dan deskripsi filogenetik organisme fungi dan perannya sebagai bagian dari ekosistem usus belum dipelajari secara ekstensif (Foster et al., 2013). Dothideomycetes merupakan salah satu kelas Ascomycota yang sangat beragam dan hidup di berbagai habitat. Informasi mengenai Dothideomycetes pada mamalia laut khususnya lumba-lumba masih sangat terbatas. Berdasarkan hal tersebut, penelitian ini dilakukan untuk mengeksplorasi lebih mendalam mengenai kelimpahan mikrobioma fungi kelas Dothideomycetes pada saluran pencernaan serta perannya pada saluran pencernaan lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*).

Studi mikrobioma saluran pencernaan mamalia laut terutama dilakukan dengan mengumpulkan sampel feses dari hewan liar atau penangkaran yang masih hidup (Sehnel et al., 2021). Kemajuan dalam biologi molekuler memberikan kemungkinan baru untuk menyelidiki komunitas mikroba pada sampel feses (Bahrndorff et al., 2016). Saat ini, sejumlah pendekatan digunakan dalam analisis sekuens

mikroorganisme (Zeli et al., 2016). Salah satunya adalah dengan teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS). Teknologi NGS dapat membantu memahami mikroba dalam kesehatan dan penyakit terhadap inang.

BAHAN DAN METODE

Koleksi Sampel

Sampel penelitian (feses) lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) di koleksi dari Pusat Konservasi PT Wersut Seguni Indonesia (WSI), Kendal, Jawa Tengah. Pengumpulan sampel dilakukan sesuai dengan pedoman yang ditetapkan dalam Buku Pegangan *Chemical Rubber Company (CRC) of Marine Mammal Medicine*. Sampel dikumpulkan dalam kondisi steril dan dimasukkan ke dalam tabung 2 mL yang telah diisi RNA/DNA Shield. Tabung kemudian di simpan ke dalam ice box, dan dikirim ke laboratorium Mikrobiologi Medik, Fakultas Kedokteran Hewan, IPB University dalam 24 jam pengambilan sampel dan segera dibekukan pada suhu -80°C. Pengambilan sampel dilakukan dengan persetujuan Komite Penelitian Etika Hewan, Rumah Sakit Hewan, IPB University (017/KEH/SKE/XI/2020).

Ekstraksi DNA dan Sekuensing

DNA genom total dari sampel diekstraksi menggunakan *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit* (Qiagen, Germany) sesuai prosedur manufaktur. Amplifikasi PCR menargetkan wilayah ITS1 dengan menggunakan primer universal ITS1F (CTT GGT CAT TTA GAG GAA GTAA) dan ITS2 (GCT GCG TTC TTC ATC GAT GC). Produk PCR di elektroforesis pada 2% agarose. Sampel dengan panjang pita 400–450 bp dipilih untuk dilakukan

sequensing. Produk PCR dimurnikan menggunakan *Qiagen Gel Extraction Kit* (Qiagen, Germany). Pustaka yang dihasilkan dengan *NEBNext® UltraTM DNA Library Prep Kit* untuk Illumina diukur menggunakan Qubit dan Q-PCR. Pengurutan amplicon dilakukan pada platform Illumina HiSeq 2500 yang menghasilkan pembacaan mentah akhir berpasangan 250 bp.

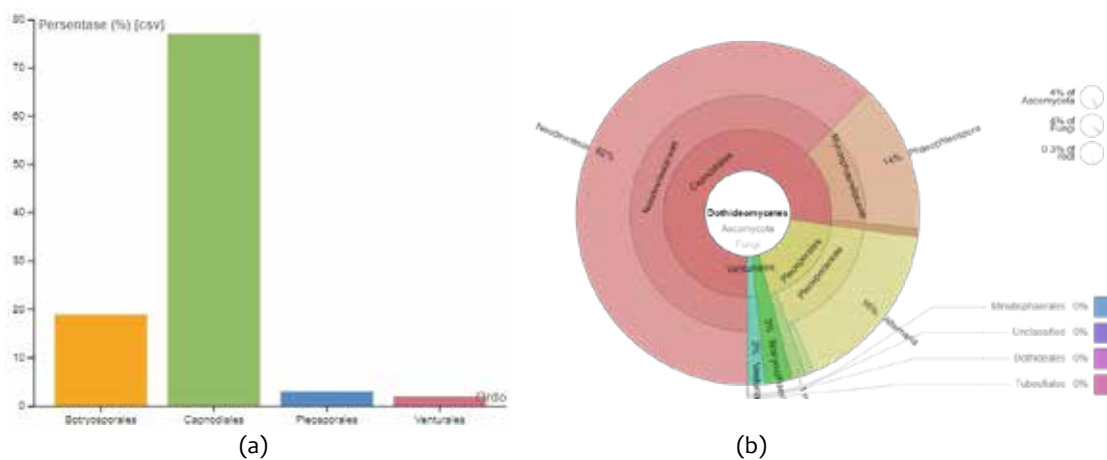
Analisis Data

Pembacaan akhir berpasangan digabungkan menggunakan software FLASH (V1.2.7), hasil akhir dianalisis menggunakan QIIME (V1.7.0). Hasil analisis dibandingkan dengan database referensi (Database Unite) menggunakan algoritma UCHIME untuk mendeteksi urutan chimera. Pengklusteran *Operational Taxonomy Unite* (OTU) dilakukan menggunakan perangkat lunak UPARSE (V7.0.1090). Analisis urutan dilakukan dengan Blastall (V2.2.25) dan basis data UNITE untuk anotasi pada setiap tingkatan taksonomi.

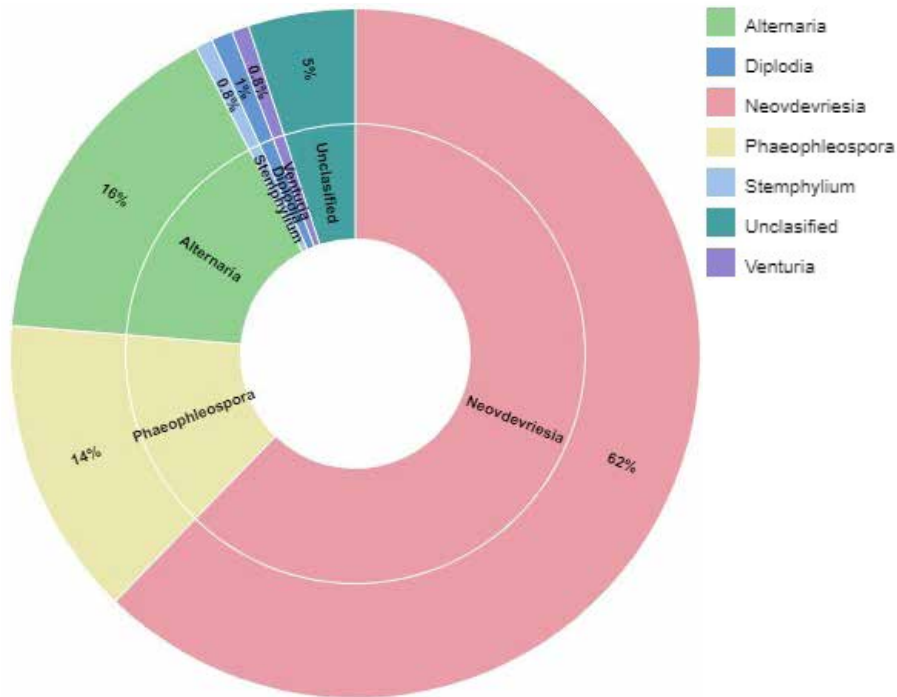
HASIL

Proporsi Kelompok Fungi Dothideomycetes yang Diidentifikasi Pada Sampel Feses

Lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) pada pusat konservasi PT Wersut Seguni Indonesia (WSI) sebagian besar diberi makanan ikan laut seperti layang (*Decapterus macarellus*), selar (*Selar boops*), kembung (*Rastrelliger brachysoma*), japuh (*Dussumieria acuta*), dan lemuru (*Sardinella longiceps*). Hasil analisis dari ITS metagenom pada feses lumba lumba hidung botol ditemukan adanya fungi kelas Dothideomycetes (Gambar 1).



Gambar 1 (A) Proporsi fungi kelas Dothideomycetes pada sampel feses asal lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*). (B) Proporsi fungi tingkat ordo pada sampel feses asal lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*)



Gambar 2 Proporsi kelimpahan tingkat genus pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*)

Gambar 1A menunjukkan proporsi kelompok fungi *Dothideomycetes* yang diidentifikasi ditemukan sebesar 4% dari seluruh kelas *Ascomycota*. Fungi kelompok *Dothideomycetes* yang ditemukan, antara lain ordo Capnodiales, Botryosphaerales, Pleosporales dan Venturiales. Ordo Capnodiales memiliki kelimpahan yang paling tinggi dengan proporsi sebesar 77%, diikuti ordo Pleosporales sebesar 19%, ordo Botryosphaerales sebesar 3% dan ordo Venturiales 2% (Gambar 1B).

Proporsi Kelimpahan Fungi Tingkat Genus Pada Sampel Feses Lumba-lumba

Kelimpahan fungi pada kelas *Dothideomycetes* menunjukkan beberapa genera yang beragam. Berdasarkan hasil penelitian pada lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) enam genus berbeda dari empat ordo berhasil diidentifikasi meliputi *Neovdevriesia*, *Alternaria*, *Stemphylium*, *Phaeophleospora*, *Diplodia* dan *Venturia*.

Gambar 2 menunjukkan proporsi kelimpahan fungi berdasarkan tingkat genus, dimana genus *Neovdevriesia*, *Phaeophleospora*, dan *Alternaria* merupakan yang paling dominan ditemukan pada saluran pencernaan lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*). *Neovdevriesia* memiliki proporsi tertinggi dengan persentase 62%, diikuti oleh *Alternaria* dengan persentase sebesar 16% dan *Phaeophleospora* sebesar 14%.

PEMBAHASAN

Komunitas fungi umumnya didominasi oleh filum *Ascomycota* dan *Basidiomycota* (Tourneroc et al., 2020; Wan et al., 2018). Berdasarkan hasil ITS metagenom ditemukan filum *Ascomycota* memiliki kelimpahan yang sangat tinggi mencapai 94% dari seluruh fungi yang ditemukan. Penelitian lainnya pada Paus biru (*Balaenoptera musculus*) menunjukkan keragaman fungi *Ascomycota* yang tinggi di saluran pencernaan dengan *Metschnikowia* spp. menjadi yang paling dominan (Guass et al., 2016). Penelitian pada ikan zebra menjelaskan bahwa komunitas fungi pada usus sangat bervariasi sebagian besar termasuk *Ascomycota* terutama kelas *Dothideomycetes* dan *Saccharomycetes* (Siriappagouder et al., 2018). Studi lainnya berfokus pada kelimpahan komunitas fungi di usus angsa domestik dan burung Derek yang menunjukkan bahwa variasi komunitas fungi pada usus dipengaruhi oleh makanan (Xiang et al., 2021).

Hasil analisis ITS metagenom dalam penelitian ini menunjukkan kelimpahan *Dothideomycetes* yang cukup tinggi pada seluruh kelompok *Ascomycota* pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) dengan persentase 4% (Gambar 1A). Sebagian besar meliputi ordo Capnodiales, Pleosporales, Botryosphaerales, dan venturiales. Capnodiales merupakan ordo yang paling dominan dengan persentase kelimpahan mencapai 77%. Capnodiales dikenal sebagai fungi jelaga, merupakan urutan terbesar kedua di *Dothideomycetes*, dan

memiliki morfologi dan ekologi serta mode nutrisi yang beragam. Capnodiales termasuk saprobe (sebagai pengurai/dekomposer), dan patogen pada tanaman dan manusia, mikoparasit, menghuni batuan (RIF), lumut kerak, epifit, ektofit dan endofit (Abdollahzadeh et al., 2020). Ordo lainnya yaitu Pleoperales memiliki persentase sebesar 19%. Pleosporales merupakan ordo terbesar dalam kelas Dothideomycetes. Pleosporales dilaporkan memiliki 23 famili, 332 genera, dan lebih dari 4.700 spesies (Kirk et al., 2008). Sebagian besar kelompok *Pleosporales* saat ini berkaitan erat dengan patogen pada tanaman. Beberapa kelompok Pleosporales ditemukan di air tawar, air laut dan terestrial (Zhang et al., 2009).

Ordo Botryosphaeriales juga ditemukan pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) dengan persentase 3%. Botryosphaeriales sebagian besar di temukan pada tanaman berkayu seperti pinus. Banyak juga yang diketahui sebagai endofit dalam jaringan tanaman yang sehat (Slippers et al., 2017). Beberapa kelompok Pleosporales dan Botryosphaeriales telah dilaporkan bersifat patogen pada manusia (Garcia-hermoso et al., 2019). Ordo lainnya Venturales juga banyak tersebar luas di berbagai habitat, persentase pada sampel feses lumba-lumba yaitu sebesar 2%. Venturales merupakan saprobe dan patogen pada tanaman, manusia dan hewan, beberapa diantaranya bahkan bersifat termofilik, hidup di sumber air panas (Shen et al., 2020).

Genus *Neodevriesia*, *Alternaria* dan *Phaeophleospora* merupakan yang paling dominan kelimpahannya dalam kelas Dothideomycetes yang ditemukan pada feses lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*). Penelitian sebelumnya ditemukan dua spesies baru, *Neodevriesia cladophorae* dan *N. grateloupiae* yang dilaporkan pertama kali diisolasi dari alga yang berada di zona pasang surut (Wang et al., 2017) dan juga spesies *Neodevriesia cladophorae* yang telah dilaporkan pertama kali oleh Armwood et al. (2021) terdapat pada jaringan ikan air laut dan air tawar pada kasus phaeohyphomycosis. Hasil penelitian menunjukkan kelimpahan *Neodevriesia* yang paling dominan, dengan persentase hingga 62% pada feses lumba-lumba. Informasi keberadaan kelompok *Neodevriesia* pada saluran pencernaan lumba-lumba masih belum ada. Sehingga ini menjadi yang pertama kali dilaporkan dan perannya pada saluran pencernaan lumba-lumba masih belum diketahui.

Genus *Alternaria* diketahui memiliki lebih dari 250 spesies, umumnya terdistribusi di lingkungan dan sporanya dapat diisolasi di berbagai habitat. *Alternaria* sp. dapat menghasilkan berbagai macam metabolit toksik yang umumnya terbagi menjadi tiga golongan

(1) turunan dibenzopyrone, alternariol (AOH), alternariol monomethyl ether (AME), dan altenuene (ALT); (2) altertoksin turunan perylene (ATX-I, ATX-II, dan ATX II); dan (3) turunan asam tetramat, asam tenuazonat (TeA). TeA, AOH, AME, ALT, dan ATX-I adalah yang utama. Spesies tertentu dalam genus *Alternaria* menghasilkan toksin spesifik inang (HST) yang berkontribusi terhadap patogenisitas dan virulensi (Elena et al., 2017). *Alternaria* sp. berhasil diidentifikasi pada saluran pencernaan lumba-lumba tak bersirip (*Neophocaena asiaorientalis sunameri*) (Wan et al., 2018), juga pada sampel feses burung gagak dan burung gereja (Torbati et al., 2016).

Alternaria merupakan salah satu genus fungi mikotoksigenik utama dengan lebih dari 70 metabolit yang dilaporkan dapat menyebabkan mutagenisitas, karsinogenisitas, induksi pemutusan untai DNA, gangguan metabolisme sphingolipid, atau penghambatan aktivitas enzim dan fotofosforilasi (Escrivá et al., 2017). Studi In vitro dengan menggunakan sebelas mikotoksin *Alternaria* (misalnya 0,153 M alternariol dan 2,3 M altersetin) dapat mempengaruhi pertumbuhan strain bakteri usus (Crudo et al., 2021). *Alternaria* juga di laporkan berperan sebagai biokontrol pada tanaman (Babu et al., 2002). *Alternaria* pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*) yang berhasil diidentifikasi diduga berasal dari makanan, air laut atau air kolam pada pusat konservasi. Spora yang tersebar luas memungkinkan *Alternaria* untuk hidup di berbagai habitat. Kemampuan *Alternaria* yang dapat menghambat pertumbuhan bakteri usus, dikhawatirkan dapat memberikan efek negatif dan dapat merusak komposisi serta aktivitas komunitas mikroba kompleks yang menghuni usus lumba-lumba.

Phaeophleospora dan *Diplodia* juga ditemukan terdapat pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*Tursiops aduncus*). Salah satu spesies *Phaeophleospora* yang telah berhasil diidentifikasi seperti *Phaeophleospora vohysiae* merupakan fungi endofit pada tanaman *Eucalyptus* sp. dan *Eugenia uniflora*, dan dapat menghasilkan metabolit sekunder (Savi et al., 2018). *Phaeophleospora* saat ini hanya dilaporkan sebagai penyebab penyakit pada tanaman (Old et al; Crous et al., 2009; Savi et al., 2018), belum terdapat laporan bahwa *Phaeophleospora* bersifat patogen pada hewan dan Informasi *Phaeophleospora* sebagai fungi komensal pada usus manusia dan hewan masih belum ada.

Sama halnya dengan kelompok *Phaeophleospora*, *Diplodia* sebagian besar merupakan fungi yang menginfeksi tanaman. Misalnya *Diplodia pinae* yaitu menginfeksi pohon pinus (Bihon et al., 2011; White et al., 2016). Pengujian pada hewan pernah dilakukan

oleh Prezz dan Hayes (1986) dengan memberikan jagung yang telah dikultur dengan *Diplodia maydis* pada hewan ternak bebek, ayam broiler, dan ayam petelur, dan menunjukkan bahwa toksisitas *Diplodia maydis*, menyebabkan kematian pada sebagian bebek dan penurunan kemampuan bertelur ayam. Pada hewan laut dan lingkungan laut, masih belum pernah dilaporkan. Berdasarkan hal di atas, perlu dilakukan eksplorasi, untuk mengetahui apakah kelompok *Diplodia* yang berhasil diidentifikasi pada feses lumba-lumba berasal dari lingkungan atau makanan lumba-lumba. Selain itu melihat tingkat toksisitas *Diplodia* sp. dapat menjadi ancaman bagi lumba-lumba apabila tumbuh dalam jumlah yang tinggi pada usus lumba-lumba.

Beberapa fungi di lingkungan laut dikaitkan dengan penyakit pada makroalga, karang, krustasea dan bahkan mamalia laut (Gladfelter et al., 2019). Fungi yang hidup di air laut sebagian besar mampu beradaptasi dengan salinitas yang tinggi. Seperti salah satu kelompok *Stemphylium* yaitu *Stemphylium Lucamagnoense* memiliki aktivitas xilanase dan lakase yang tinggi dan mampu beradaptasi pada lingkungan yang mengandung garam tinggi (Ali et al., 2020). Salah satu spesies *Stemphylium* diisolasi dari mangrove di laut Cina Selatan memiliki aktivitas anti-bakteri terutama pada lima patogen teresterial seperti *Staphylococcus albus*, *E. coli*, *B. subtilis*, *M. tetragenus* dan *M. luteus* (Zhou et al., 2014). Berdasarkan kemampuan *Stemphylium* yang mampu hidup di lingkungan laut, kami berasumsi bahwa *Stemphylium* yang telah berhasil diidentifikasi pada sampel feses lumba-lumba berasal dari lingkungan hidupnya. Adanya aktivitas antibakteri yang dimiliki oleh *Stemphylium* pada sistem pencernaan dapat membantu menekan pertumbuhan bakteri komensal yang berlebihan di dalam usus.

Genus *Venturia* Sacc. (anamorph *Fusicladium* Bonord.) termasuk patogen tanaman yang menyebabkan kerusakan ekonomi yang besar pada tanaman buah di seluruh dunia. Beberapa spesies *Venturia* seperti *V. inaequalis*, *V. pyrina*, *V. nashicola*, dan *V. carpophila* merupakan fungi patogen yang menyebabkan kerugian ekonomi yang besar pada tanaman apel, pir, persik dan buah lainnya (González-domínguez et al., 2017). Hingga saat ini, laporan mengenai keberadaan *Venturia* pada usus hewan dan manusia masih belum jelas, sehingga peran nya pada usus masih belum diketahui.

Sampel feses telah banyak digunakan untuk mempelajari mikrobioma saluran pencernaan Cetacea, terutama hewan yang hidup di alam liar (Wan et al., 2018). Mikrobioma usus berperan penting dalam pemecahan makanan dan pencernaan, produksi

vitamin dan mineral serta berperan penting dalam pengaturan sistem kekebalan (Nelson et al., 2015). Studi kelimpahan bakteri pada saluran pencernaan telah banyak dilakukan sehingga dapat diketahui bahwa komposisi mereka pada usus berpengaruh terhadap kesehatan inang. Akan tetapi studi untuk kelimpahan fungi masih sedikit diketahui terutama pada mamalia laut.

Beberapa kelompok fungi dapat memberikan manfaat pada usus, seperti *Saccharomyces boulardii* yang secara luas digunakan sebagai probiotik untuk mencegah infeksi bakteri patogen dan komplikasi pada usus (van Tilburg Bernardes et al., 2020), dan ada pula yang berperan sebagai patogen seperti *Candida albicans* yang dapat menyebabkan penyakit radang usus (Sam et al., 2016).

Penelitian sebelumnya menjelaskan bahwa lumba-lumba memiliki profil mikrobioma yang unik yang berbeda dengan air laut, ikan, cumi-cumi, dan mamalia lainnya. Komposisi mikrobioma pada usus lumba-lumba cenderung stabil. Dalam hal ini, habitat (akuatik versus terestrial) juga merupakan penentu penting keragaman mikrobioma lumba-lumba. Hubungan leluhur yang relatif jauh di antara mamalia laut yang masih ada menunjukkan adanya perbedaan terhadap kehidupan di laut yang kemungkinan telah membentuk struktur dan fungsi mikrobioma mamalia laut (Bik et al., 2016). Sementara lainnya mengatakan bahwa interaksi epitel saluran pernapasan dan gastrointestinal dengan mikroba terkait udara dan makanan memiliki pengaruh terbesar pada dinamika mikrobioma inang (Cardona et al., 2018).

Beberapa genera fungi yang berhasil kami identifikasi pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) menunjukkan bahwa fungi tersebut mampu hidup di dalam saluran pencernaan lumba-lumba dan memiliki interaksi dengan mikrobioma lain di dalam saluran pencernaan terutama usus lumba-lumba. Kami berasumsi lingkungan pada pusat konservasi konservasi (Seperti air kolam, interaksi langsung dengan penjaga) dan makanan yang diberikan pada lumba-lumba di pusat konservasi menjadi salah satu faktor keragaman komunitas fungi pada saluran pencernaan lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*).

Kelompok kelas Dothideomycetes yang berhasil diidentifikasi pada sampel feses lumba-lumba hidung botol (*T. aduncus*) meliputi *Neodevriesia*, *Alternaria*, *Stemphylium*, *Phaeophleospora*, *Diplodia* dan *Venturia*. *Phaeophleospora* dan *Venturia* merupakan ordo fungi yang baru ditemukan dalam penelitian ini dan sebagian besar hanya dilaporkan pada tanaman. Penelitian yang sebelumnya belum pernah dilaporkan *Phaeophleospora* dan *Venturia* pada manusia dan

hewan. Fungi kelompok Dothideomycetes yang berhasil diidentifikasi kemungkinan berasal dari lingkungan dan makanan lumba-lumba di pusat konservasi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terimakasih yang sebesar-besarnya kepada Lembaga Pengelola Dana Pendidikan (LPDP) yang telah memberikan dana penelitian. Penulis juga mengucapkan terimakasih kepada Direktur, Dokter hewan, serta Staff Pusat Konservasi PT Wersut Seguni Indonesia (WSI) atas izin dalam pengambilan sampel penelitian kami.

“Penulis menyatakan tidak ada konflik kepentingan dengan pihak-pihak yang terkait dalam penelitian ini”.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdollahzadeh J, Groenewald JZ, Coetzee MPA, Wingfield MJ, Crous PW. 2020. Evolution of lifestyles in Capnodiales. *Stud Mycol* 5(95): 381–414. DOI: 10.1016/j.simyco.2020.02.004.
- Ali W Ben, Navarro D, Kumar A, Drula E, Turb A, Correia LO, Bertrand E, Faulds CB, Henrissat B, Sciarra G, Mechichi T, Record E. 2020. Characterization of the CAZy Repertoire from the Marine-Derived Fungus *Stemphylium lucomagnoense* in Relation to Saline Conditions. *Mar Drugs* 18(9): 461. DOI: 10.3390/md18090461.
- Apprill A. 2017. Marine animal microbiomes: Toward understanding host-microbiome interactions in a changing ocean. *Frontiers in Marine Science* 4 JUL: 1–9. DOI: 10.3389/fmars.2017.00222.
- Arrieta M. 2017. Patterns of early-Life Gut Microbial Colonization during Human immune Development : An ecological Perspective. *Frontiers* 8 July: 1–13. DOI: 10.3389/fimmu.2017.00788.
- Auchtung TA, Fofanova TY, Stewart CJ, Nash AK, Wong MC, Gesell JR, Auchtung JM, Ajami NJ, Petrosino F. 2018. crossm Investigating Colonization of the Healthy Adult Gastrointestinal Tract by Fungi. *mSphere* 3(2):1–16.
- Babu RM, Sajeena A, Seetharaman K, Vidhyasekaran P, Rangasamy P. 2002. Host range of *Alternaria alternata* — a potential fungal biocontrol agents for waterhyacinth in India. *Elsevier* 21: 1083–1085.
- Bahrndorff S, Alemu T, Alemneh T, Lund Nielsen J. 2016. The Microbiome of Animals: Implications for Conservation Biology. *Int J Genomics* 2016. DOI: 10.1155/2016/5304028.
- Bihon W, Slippers B, Burgess TI, Wingfield MJ. 2011. Sources of *Diplodia pinea* endophytic infections in *Pinus patula* and *P. radiata* seedlings in South Africa. *Forest Pathology* 41(5): 370–375. DOI: 10.1111/j.1439-0329.2010.00691.x.
- Bik EM, Costello EK, Switzer AD, Callahan BJ, Holmes SP, Wells RS, Carlin KP, Jensen ED, Venn-Watson S, Relman DA. 2016. Marine mammals harbor unique microbiotas shaped by and yet distinct from the sea. *Nature Communications* 7: 10516. DOI: 10.1038/ncomms10516.
- Blaser MJ, Kirschner D. 2007. The equilibria that allow bacterial persistence in human hosts. *Nature* 449(7164): 843–849. DOI: 10.1038/nature06198.
- Cardona C, Henry C, Bonn B Van, Gilbert A. 2018. Environmental Sources of Bacteria Differentially Influence. *mSystems* 3(3): 1–18.
- Crous PW, Summerell B, Gardens RB, Sydney DT, Carnegie A, Wingfield MJ. 2009. Novel species of *Mycosphaerellaceae* and *Teratosphaeriaceae* < / I. December. DOI: 10.3767/003158509X479531.
- Crudo F, Aichinger G, Mihajlovic J, Varga E, Dellaflora L, Warth B, Dall C, David A, Marko D. 2021. In vitro interactions of *Alternaria* mycotoxins , an emerging class of food contaminants , with the gut microbiota : a bidirectional relationship. *Arch Toxicol* 95(7): 2533–2549. DOI: 10.1007/s00204-021-03043-x.
- Cui L, Morris A, Ghedin E. 2013. The human mycobiome in health and disease. *Genome Medicine* 5(7): 63. DOI: 10.1186/gm467.
- Elena V, Pinto F, Patriarca A. 2017. Chapter 2 *Alternaria* Species and Their Associated Mycotoxins. October:12–33. DOI: 10.1007/978-1-4939-6707-0.
- Escrivá L, Oueslati S, Font G, Manyes L. 2017. *Alternaria* Mycotoxins in Food and Feed : An Overview. 2017.
- Foot AD, Liu Y, Thomas GWC, Vinař T, Alföldi J, Deng J, Dugan S, Elk CE Van, Hunter ME, Joshi V, et al. 2015. Convergent evolution of the genomes of marine mammals. *Nature Genetics* 47(3): 272-5. DOI: 10.1038/ng.3198.
- Forbes JD, Bernstein CN, Tremlett H, Domselaar G Van, Knox NC, Knox NC. 2019. A Fungal World : Could the Gut Mycobiome Be Involved in Neurological Disease ? 9 January:1–13. DOI: 10.3389/fmicb.2018.03249.
- Foster ML, Dowd SE, Stephenson C, Steiner JM, Suchodolski JS. 2013. Characterization of the fungal microbiome (Mycobiome) in fecal samples from dogs. *Veterinary Medicine International* 2013: 1–8. DOI: 10.1155/2013/658373.
- Garcia-hermoso D, Valenzuela-lopez N, Riveromenendez O, Cano-lira F, Stchigel AM, Alastruey-izquierdo A, Guarro J. 2019. Diversity of coelomycetous fungi in human infections: A 10-y experience of two European reference centres.

- 123.
- Gladfelter AS, James TY, Amend AS. 2019. Marine fungi. *Current Biology* 29(6): R191–R195. DOI: 10.1016/j.cub.2019.02.009.
- González-domínguez E, Armengol J, Rossi V. 2017. Biology and Epidemiology of *Venturia* Species Affecting Fruit Crops: A Review. 8 September. DOI: 10.3389/fpls.2017.01496.
- Gu Y, Zhou G, Qin X, Huang S, Wang B, Cao H. 2019. The potential role of gut mycobiome in irritable bowel syndrome. *Front Microbiol* 10 AUG. DOI: 10.3389/fmicb.2019.01894.
- Guass O, Meier L, Scot H, Mclaughlin RW. 2016. Analysis of the microbial diversity in faecal material of the endangered blue whale, *Balaenoptera musculus*.
- Hallen-adams HE, Suhr MJ. 2017. Fungi in the healthy human gastrointestinal tract. *Virulence* 8(3):352–358. DOI: 10.1080/21505594.2016.1247140.
- Heitman J, Hom EFY, Ianiri G, Jones AC, Kagami M, Picard KT, Quandt CA, Raghukumar S, Riquelme M, Stajich J, et al. 2019. crossm Fungi in the Marine Environment: Open Questions and Unsolved Problems. 10(2).
- Higgins R. 2000. Fungi Mammals: Canadian Veterinary Journal (1).
- Hoffmann C, Dollive S, Grunberg S, Chen J, Li H, Wu GD, Lewis JD, Bushman FD. 2013. Archaea and Fungi of the Human Gut Microbiome: Correlations with Diet and Bacterial Residents. 8(6). DOI: 10.1371/journal.pone.0066019.
- Indrawati A, Maharani J, Fadillah N, Arum DS, Yenri H, Velayati RA, Fadlilah UN, Naldi J, Nurhasanah A. 2020. Bacterial pneumonia sebagai salah satu penyebab kematian lumba lumba hidung botol indo-pasifik (*Tursiops aduncus*). *Acta Veterinaria Indonesiana* 8(2): 37–42. DOI: 10.29244/avi.8.2.37-42.
- Kapitan M, Niemiec MJ, Steimle A, Frick JS, Jacobsen ID. Fungi as Part of the Microbiota and Interactions with Intestinal Bacteria.
- Lai GC, Tan TG, Pavelka N. 2018. The mammalian mycobiome: A complex system in a dynamic relationship with the host. *Wiley interdiscip rev syst biol med*. March 2018: 1–22. DOI: 10.1002/wsbm.1438.
- Lavrinienko A, Scholier T, Bates ST, Miller AN, Watts PC. 2021. Defining gut mycobiota for wild animals: a need for caution in assigning authentic resident fungal taxa. *Animal Microbiome* 3(75).
- Methylene B, Robinson K, Xiao Y, Johnson TJ, Chen B, Yang Q, Lyu W, Wang J. 2020. crossm Chicken Intestinal Mycobiome: Initial Characterization and Its. May:1–15.
- Mims TS, Abdallah Q Al, Stewart JD, Watts SP, White CT, Rousselle TV., Gosain A, Bajwa A, Han JC, Willis KA, et al. 2021. The gut mycobiome of healthy mice is shaped by the environment and correlates with metabolic outcomes in response to diet. *Communications Biology* 4(1). DOI: 10.1038/s42003-021-01820-z.
- Nelson TM, Apprill A, Mann J, Rogers TL, Brown M V. 2015. The marine mammal microbiome: current knowledge and future directions. *Microbiol Aust*. 36(1):8. DOI: 10.1071/ma15004.
- Old KM, Wingfield MJ, Asia S. A Manual of Diseases of Eucalypts in South-East Asia.
- Oore SUEEM. 2008. Marine mammals as ecosystem sentinels. *Journal of Mammalogy* 89(3): 534–540.
- Robles-Malagamba MJ, Walsh MT, Ahasan MS, Thompson P, Wells RS, Jobin C, Fodor AA, Winglee K, Waltzek TB. 2020. Characterization of the bacterial microbiome among free-ranging bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*). *Heliyon*. 6(6). DOI: 10.1016/j.heliyon.2020.e03944.
- Sam QH, Chang MW, Yi L, Chai A. The Fungal Mycobiome and Its Interaction with Gut Bacteria in the Host. July 2016. DOI: 10.3390/ijms18020330.
- Savi DC, Shaaban KA, Maria F, Ramos W. 2018. *Phaeophleospora vochysiae* Savi & Glienke sp. nov. Isolated from *Vochysia divergens* Found in the Pantanal, Brazil, Produces Bioactive Secondary Metabolites. June 2017:1–10. DOI: 10.1038/s41598-018-21400-2.
- Sehnal L, Brammer-robbins E, Wormington AM, Grim CJ. 2021. Microbiome Composition and Function in Aquatic Vertebrates: Small Organisms Making Big Impacts on Aquatic Animal Health. 12 March. DOI: 10.3389/fmicb.2021.567408.
- Shen M, Zhang JQ, Zhao LL, Groenewald JZ, Crous PW, Zhang Y. 2020. *Studies in Mycology*. 308: 185–308. DOI: 10.1016/j.simyco.2020.03.001.
- Siriappagouder P, Kiron V, Lokesh J, Rajeish M, Johnston SA. 2018. The Intestinal Mycobiota in Wild Zebrafish Comprises Mainly *Dothideomycetes* While *Saccharomycetes* Predominate in Their Laboratory-Reared Counterparts. 9 March: 1–13. DOI: 10.3389/fmicb.2018.00387.
- Slippers B, Crous PW, Jami F, Groenewald JZ, Wingfield MJ. 2017. Diversity in the Botryosphaerales: Looking back, looking forward. *Fungal Biology* 121(4): 307–321. DOI: 10.1016/j.funbio.2017.02.002.
- Soverini M, Quercia S, Biancani B, Furlati S, Turroni S, Biagi E, Consolandi C, Peano C, Severgnini M, Rampelli S, et al. 2016. The bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*) faecal microbiota. *FEMS Microbiology Ecology* 92(4): fwo55. DOI: 10.1093/femsec/fwo55.
- Suzuki A, Ueda K, Foundation OC, Itou T, Asahina

- K. 2019. Editor ' s Choice Comparison of the gut microbiota of captive common. January. DOI: 10.1111/jam.14109.
- van Tilburg Bernardes E, Pettersen VK, Gutierrez MW, Laforest-Lapointe I, Jendzjowsky NG, Cavin JB, Vicentini FA, Keenan CM, Ramay HR, Samara J, et al. 2020. Intestinal fungi are causally implicated in microbiome assembly and immune development in mice. *Nature Communications* 11(1):1–16. DOI: 10.1038/s41467-020-16431-1.
- Torbati M, Arzanlou M, Bakhshi M. 2016. Morphological and molecular identification of *ascomycetous coprophilous* fungi occurring on feces of some bird species. September. DOI: 10.5943/cream/6/3/9.
- Turneroche A, Lami R, Burgaud G, Domart-coulon I, Li W, Waite DW. 2020. The Bacterial and Fungal Microbiota of *Saccharina latissima* (*Laminariales, Phaeophyceae*). 7 December: 1–14. DOI: 10.3389/fmars.2020.587566.
- Wan XL, McLaughlin RW, Zheng JS, Hao YJ, Fan F, Tian RM, Wang D. 2018. Microbial communities in different regions of the gastrointestinal tract in East Asian finless porpoises (*Neophocaena asiaeorientalis sunameri*). *Scientific Reports* 8(1): 1–10. DOI: 10.1038/s41598-018-32512-0.
- Wang MM, Shenoy BD, Li W, Cai L. 2017. Molecular phylogeny of *neodevriesia*, with two new species and several new combinations. *Mycologia* 109(6): 965–974. DOI: 10.1080/00275514.2017.1415075.
- White JF, Tadych M, Torres MS, Bergen MS, Irizarry I, Chen Q, Zambell C, Brunswick N. 2016. Endophytic Microbes, Evolution and Diversi fication of. 1. DOI: 10.1016/B978-0-12-800049-6.00250-X.
- Xiang X, Jin L, Yang Z, Zhang N, Zhang F. 2021. Dramatic shifts in intestinal fungal community between wintering Hooded Crane and Domestic Goose. *Avian Research* 12(1): 1–6. DOI: 10.1186/s40657-020-00238-1.
- Zhang Y, Schoch CL, Fournier J, Crous PW, Gruyter J De, Woudenberg JHC, Hirayama K, Tanaka K, Pointing SB, Spatafora JW, et al. 2009. Multi-locus phylogeny of Pleosporales : a taxonomic , ecological and evolutionary. *Studies in Mycology* 64: 85–102. DOI: 10.3114/sim.2009.64.04.
- Zhou X, Zheng C, Song X, Han C, Chen W, Chen G. 2014. Antibacterial a -pyrone derivatives from a mangrove-derived fungus *Stemphylium* sp . 33231 from the South China Sea. February: 401–403. DOI: 10.1038/ja.2014.6.