



Indonesian Journal Of Health

<http://inajoh.org/index.php/INAJOH>

ARTIKEL RISET

URL artikel: <http://citracendekiacelbes.org/index.php/INAJOH>

Profil Mikrobiota Saluran Cerna Pada Anak, Dewasa, Berbagai Suku dan Ras

Dzulfachri Kurniawan¹, Armanto Maknum², Zulfahmidah³, Windy Nurul Aisyah⁴

1Program Studi Pendidikan Profesi Dokter, Fakultas Kedokteran, Universitas Muslim Indonesia

2Departemen Ilmu Kesehatan Masyarakat, Fakultas Kedokteran, Universitas Muslim Indonesia

3Program Studi Sarjana Kedokteran, Fakultas Kedokteran, Universitas Muslim Indonesia

4Program Studi Pendidikan Profesi Dokter, Fakultas Kedokteran, Universitas Muslim Indonesia

dzulfachrik@gmail.com¹ [armanto.maknum@umi.ac.id](mailto:armanto.makmun@umi.ac.id)² zulfahmidah@umi.ac.id³,

windy.nurulaisyah@umi.ac.id⁴ 082237600100

ABSTRAK

Latar Belakang dan Tujuan: Mikrobiota didefinisikan sebagai kumpulan mikroorganisme yang hidup pada tubuh inang (host), dapat terdiri dari bakteri, archae, virus, dan organisme eukariota sel satu lainnya. Mikrobiota pada manusia terdapat juga di kulit, paru, saluran kemih rongga mulut meskipun demikian saluran pencernaan sangatlah berperan dalam menyumbang angka tertinggi mikrobiota pada manusia. Tujuan dari artikel ini adalah untuk memberikan gambaran berbagai profil mikrobiota saluran cerna pada anak, dewasa, berbagai suku dan ras. Metode: Penelitian ini menggunakan metode *narrative review* sumber data penelitian ini berasal dari literatur yang diperoleh melalui internet berupa hasil penelitian dari jurnal nasional maupun internasional tahun 2010-2020 seperti Elsevier, Clinical Key, Pubmed, Biomed Research International, Nature Journal, PLOS Computational Biology, PNAS Journal dan American Society For Microbiology. Hasil: Dari beberapa kumpulan jurnal yang terkait mikrobiota, banyak penelitian mengungkapkan bahwa dua filum bakteri *Firmicutes* dan *Bacteroidetes* ditemukan dalam persentase yang lebih tinggi pada manusia secara umum diikuti dengan *Prevotella*, *Actinobacteria* dan *Bifidobacterium*. Sedangkan pada anak mikrobiota lebih di dominasi oleh *Bacteroidetes* / *Bifidobacterium* dan tidak sedikit pula penelitian menemukan *Clostridium* pada anak. Tidak berbeda dengan dengan suku dan ras dari Negara lain bahwa temuan mikrobiota secara umum hampir sama, Beragam mikrobiota dapat pula dipengaruhi dari lingkungan hidup, geografi, etnik dan budaya. Kesimpulan: Variabilitas mikrobiota pada saluran cerna manusia sangat beragam hal tersebut berhubungan terhadap berbagai faktor yakni, usia, genetik, metabolismik, diet, makanan, gaya hidup, lingkungan hidup, geografis, etnis, budaya dan sosio-ekonomi

Kata kunci : Profil Mikrobiota; Saluran Cerna; Anak; Dewasa; Suku; Ras

PUBLISHED BY :

Yayasan Citra Cendekia Celebes

Address :

Perumahan Bukit Tamalanrea Permai
Blok D No.61 Kota Makassar,
Sulawesi Selatan, Kode Pos : 90211

Email :

inajoh@inajoh.org

Phone :

082346913176

Article history : (dilengkapi oleh admin)

Received Tanggal Bulan Tahun

Received in revised form Tanggal Bulan Tahun

Accepted Tanggal Bulan Tahun

Available online Tanggal Bulan Tahun

licensed by [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).



ABSTRACT

Background and Purpose: Microbiota is defined as a collection of microorganisms that live in the host's body, which can consist of bacteria, archae, viruses, and other eukaryotes. Microbiota in humans is also found in the skin, lungs, urinary tract, oral cavity, although the digestive tract plays a role in contributing to the highest number of microbiota in humans. The purpose of this article is to provide an overview of the various profiles of the gastrointestinal microbiota in children, adults, various ethnicities and races. **Methods:** This study uses a narrative review method. The data sources of this study come from literature obtained via the internet in the form of research results from national and international journals in 2010-2020 such as Elsevier, Clinical Key, Pubmed, Biomed Research International, Nature Journal, PLOS Computational Biology, PNAS Journal dan American Society For Microbiology. **Results:** From several collections of journals related to microbiota, many studies reveal that the two bacterial phyla Firmicutes and Bacteroidetes are found in a higher proportion in humans in general followed by Prevotella, Actinobacteria and Bifidobacterium. Whereas in children the microbiota is more dominated by Bacteroidetes / Bifidobacterium and not a few studies have found Clostridium in children. It is no different from ethnicities and races from other countries in that the findings of general microbiota are almost the same. Various microbiota also can be built from the environment, geography, ethnicity and culture. **Conclusion:** The variability of the microbiota in the human tract is very diverse, it is related to various factors, namely age, genetics, metabolic, diet, diet, lifestyle, environment, geography, ethnicity, culture and socio-economy.

Keywords: Profile Microbiota; Gastrointestinal tract; Child; Adult; Tribe; Race

PENDAHULUAN

Mikrobiota didefinisikan sebagai kumpulan mikroorganisme yang hidup pada tubuh inang (host), dapat terdiri dari bakteri, archae, virus, dan organisme eukariota sel satu lainnya. Koloniasi bakteri terdapat pada seluruh permukaan tubuh yang memiliki kontak dengan dunia luar, yaitu kulit, saluran urin, saluran cerna, dan saluran napas.¹ Berdasarkan Index Mundi indonesia memiliki populasi 262 juta orang, dengan anak-anak (usia 0-14 tahun) terdiri dari 25%, dewasa muda (usia 15-64 tahun) sebanyak 68%, dan lansia (berusia 65 tahun ke atas) terdiri dari 7% populasi.² Indonesia memiliki berbagai ras, ratusan suku dengan gaya hidup berbeda dan menghasilkan mikrobiota usus yang bervariasi. Dalam kandungan, manusia tidak memiliki mikrobiota. Setelah lahir, saluran gastrointestinal segera berkoloni. Bahkan jenis kelahiran (normal atau sesar) dan jenis makanan (ASI atau susu formula) telah terbukti menghasilkan perbedaan mikrobiota usus.³ Perkembangan komposisi mikrobiota usus dimulai saat bayi lahir; Namun, hal itu berubah secara nyata ketika bayi belajar makan, diikuti dengan keadaan stabil mulai dari usia remaja dan dewasa dan akhirnya mulai mengalami perubahan lain pada orang tua.² Perubahan dan paparan awal dalam suksesi normal mikrobiota usus dapat berdampak pada koloniasi di masa depan, yang dapat memiliki konsekuensi kesehatan yang bertahan lama.^{4 5 6 7} Neonatus yang dilahirkan melalui vagina memiliki peningkatan prevalensi mikrobiota ibu yang berasal dari vagina dan usus (misalnya *Lactobacillus*, *Prevotella* dan *Sneathia*) dibandingkan dengan neonatus yang dilahirkan melalui operasi Caesar (*Staphylococcus*, *Propionibacterium* dan *Corynebacterium*) berbeda pula pada bayi prematur menunjukkan koloniasi mikrobiota usus *Enterobacteriaceae*, *Staphylococcus*, dan *Enterococcaceae* dengan yang tinggi.^{8 9}

Sebuah studi pada 303 anak-anak Asia di mana profil komunitas mikrobiota usus subjek diselidiki, *Prevotella* (tipe-P) atau *Bifidobacterium / Bacteroides* (tipe-BB) mampu mendorong dua klasifikasi klaster mirip-enterotipe. Tipe P paling banyak ditemukan pada subjek dari Indonesia dan Thailand, sedangkan tipe BB banyak ditemukan di Jepang, Taiwan dan China.¹⁰ Data dari penelitian Paul dan Marson, mengungkapkan bahwa pada orang dewasa sehat dengan rentan usia 28 – 37 tahun dideteksi profil mikrobiota usus yakni, *Firmicutes*, *Actinobacteria* dan tidak heran pada umumnya ditemukan juga *Bacteroidetes* atau *Proteobacteria*.¹¹ Mengingat Berbagai faktor intrinsik dan ekstrinsik mempengaruhi struktur mikrobiota gastrointestinal (GI). Yang diidentifikasi termasuk mikroba yang didapat saat lahir, diet, genetika dan fisiologi inang, asupan obat dan penyakit.¹² Indonesia memiliki banyak suku yang berbeda dan masing-masing suku tersebut memiliki gaya hidup yang berbeda. Dari hasil penelitian sebelumnya profil mikrobiota dengan mengambil sampel pada daerah Yogyakarta dan Bali sebagai perwakilan Indonesia mengungkapkan bahwa populasi bakteri lebih tinggi pada subjek yang lebih muda dibandingkan pada subjek lansia. Kelompok bakteri paling melimpah adalah *Clostridium*, *Prevotella*, *Atopobium*, *Bifidobacterium*, dan *Bacteroides*. Kadar *Clostridium perfringens* Yogyakarta lebih rendah dibandingkan dengan di Bali.² Studi kohort di lokasi geografis yang jauh menunjukkan dampak yang kuat dari makanan pokok pada mikrobiota terhadap saluran GI. Dibandingkan dengan anak-anak yang tinggal di Italia, anak-anak di desa pedesaan Afrika, Burkina Faso, menyimpan mikrobiota saluran GI yang menunjukkan kelimpahan unik bakteri dari genera *Prevotella* dan *Xylanibacter* (baru-baru ini diklasifikasikan ulang ke *Prevotella*) dan penipisan di *Firmicutes*.^{10 13 14}

Perbedaan usia, konsumsi makanan pada setiap orang di dunia sangat mempengaruhi pola mikrobiota pada GI. Meskipun mikrobiota pada manusia terdapat juga di kulit, paru, saluran kemih rongga mulut tetapi saluran pencernaan sangatlah berperan dalam meyumbang angka tertinggi mikrobiota pada manusia. Hal tersebut dikarenakan mikrobiota usus terlibat dalam pengaturan beberapa jalur metabolisme inang, sehingga menimbulkan metabolisme interaktif, pensinyalan, dan sumbu inflamasi mikrobiota inang yang secara fisiologis menghubungkan usus, hati, otot, dan otak.¹⁵ Mengingat beberapa dekade terakhir perubahan gaya hidup tiap individu dan kelompok berbeda sehingga sangat mempengaruhi peran mikrobiota saluran cerna baik sebagai fungsi fisiologis maupun bersifat pathogen oleh karena itu tujuan dari artikel ini adalah untuk memberikan gambaran berbagai profil mikrobiota saluran cerna pada anak, dewasa, berbagai suku dan ras. Dasar tinjauan inilah yang nantinya kemudian dapat digunakan sebagai bahan untuk mempelajari hubungan mikrobiota terhadap penyakit atau pola hidup seseorang.

METODE

Penelitian ini menggunakan metode *narrative review* sumber data penelitian ini berasal dari literatur yang diperoleh melalui internet berupa hasil penelitian dari jurnal nasional maupun internasional tahun 2010-2020 seperti Elsevier, Clinical Key, Pubmed, Biomed Research International,

Nature Journal, PLOS Computational Biology, PNAS Journal dan American Society For Microbiology. dengan kata kunci seperti : “Profil Mikrobiota” atau “Saluran Cerna” “Anak” atau “Dewasa” atau “Suku” atau “Ras”. Hasil pencarian dimasukkan ke aplikasi Mendeley menggunakan sistem Vancouver. Semua artikel yang terduplikat dihapus dan artikel disaring melalui judul dan abstrak. Artikel termasuk review, penelitian berdasarkan empiris ataupun data mengenai mikrobiota.

HASIL

Tabel 1. Studi Jurnal Penelitian Terkait Mikrobiota Saluran Cerna Pada Anak, Dewasa, Suku dan Ras

| Penelitian | Penulis | Metode | Profil mikrobiota pada anak, dewasa, suku dan ras |
|--|--|--|---|
| Gut microbiota profile in healthy Indonesians | Endang Sutriswati Rahayu, Tyas Utami, dkk. | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik. | Dalam studi ini, populasi bakteri lebih tinggi pada subjek yang lebih muda dibandingkan pada subjek lansia. Kelompok bakteri paling banyak adalah <i>Clostridium, Prevotella, Atopobium, Bifidobacterium</i> , dan <i>Bacteroides</i> . Kadar <i>Clostridium perfringens</i> di Yogyakarta lebih rendah dibandingkan dengan di Bali. ² |
| What is the Healthy Gut Microbiota Composition? A Changing Ecosystem across Age, Environment, Diet, and Diseases | Emanuele Rinninella, Pauline Raoul, Marco Clintoni, Francesco Franceschi , Giacinto Abele Donato Miggiano , Antonio Gasbarrini and Maria Cristina Mele | Metode Penelitian menggunakan <i>narrative review</i> | Pada penelitian ini mengungkapkan Keanekaragaman mikrobiota meningkat seiring dengan bertambahnya usia hingga menjadi komposisi mikrobiota dewasa yang stabil yang didominasi oleh tiga filum bakteri: <i>Firmicutes</i> , <i>Bacteroidetes</i> dan <i>Actinobacteria</i> yang merupakan hasil pematangan akibat pengaruh genetika, lingkungan, pola makan, gaya hidup, dan fisiologi usus. ¹⁶ |
| Profil mikroba usus pada anak usia 2 – 12 tahun dengan diare dan non diare di Jakarta utara, Indonesia | Teguh Sarry hartono | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik dengan desain <i>Cross Sectional</i> | Pada penelitian ini menyatakan bahwa pada kelompok sampel diare di deteksi enteropatogen yaitu <i>Clostridium perfringens</i> , <i>Campylobacter jejuni</i> dan <i>Shigella boydii</i> . Sedangkan pada kelompok sampel non |

| | | | |
|--|---|---|--|
| | | | diare dideteksi bakteri anggota filum Actinobacteria (<i>Bifidobacterium longum</i>) yang bersifat probiotik. ¹⁷ |
| Gut Bacteria in Health and Disease | Eamonn M. M. Quigley, MD, FRCP, FACP, FACG, FRCPI | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif dengan membandingkan bakteri saluran cerna pada orang sehat dan pada penyakit | Pada penelitian ini menyatakan bahwa mikrobiota usus bayi baru lahir adalah dominasi relative dari filum Proteobacteria dan Actinobacteria; kemudian, mikrobiota menjadi lebih beragam dengan munculnya dari dominasi Firmicutes dan Bacteroidetes, yang mencirikan mikrobiota pada orang dewasa. ¹² |
| Effect of ethnicity and socioeconomic variation to the gut microbiota composition among pre-adolescent in Malaysia | Chun Wie Chong, Arine Fadzlun Ahmad, Yvonne Ai Lian Lim, Cindy Shuan Ju Teh, Ivan Kok SengYap, Soo Ching Lee, Yuee Teng Chin, P'ng Loke & Kek Heng Chua | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik dengan membandingkan mikrobiota pada tiga etnis yaitu Melayu, Cina dan Orang Asli (suku Temiar) | Pada hasil penelitian ini mengatakan perbedaan mikrobiota feses antara suku temiar dengan anak Tionghoa dan Melayu yakni <i>Aeromonadales</i> dan ordo <i>Bacteroidetes</i> dan <i>Deltaproteobacteria</i> dan genus <i>Ruminococcaceae</i> . Tetapi Secara keseluruhan, <i>Firmicutes</i> dan <i>Bacteroidetes</i> adalah filum yang didominasi sedangkan <i>Feacabacterium</i> dan <i>Prevotella</i> adalah genera dominan dalam feses dari kelompok yang diteliti ¹⁸ |
| Variation in human intestinal microbiota with age | M.J. Hopkins, R. Sharp, G.T. Macfarlane | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik | Dalam penelitiannya menyebutkan bahwa <i>B. angulatum</i> merupakan isolat bifidobakteri yang paling banyak dijumpai pada dewasa muda yang sehat, namun keanekaragaman jenis ditemukan menurun dengan tidak adanya <i>B. bijidum</i> , <i>B. catenulatum</i> , <i>B. pseudocatenulatum</i> dan <i>B. Infantis</i> terdeteksi pada kotoran orang tua. ¹⁹ |

| | | | |
|---|---|---|--|
| Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template | Charles H. King, Hiral Desai, Allison C. Sylvetsky, dkk. | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik | Pada penelitiannya mengatakan bahwa anggota Firmicutes dan Bacteroidetes phyla membentuk sebagian besar spesies bakteri yang ada di mikrobiota usus manusia. ²⁰ |
| Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa | Carlotta De Filippo , Duccio Cavalieri , Monica Di Paola , Matteo Ramazzotti , Jean Baptiste Poulet , Sebastien Massart , Silvia Collini , Giuseppe Pieraccini , dan Paolo Lionetti | Penelitian ini merupakan penelitian analitik dengan menggunakan high-throughput 16S rDNA sequencing dan analisis biokimia | Hasil pada penelitian ini mengatakan bahwa anak-anak afrika pedesaan BF (Burkina Faso) menunjukkan hasil yang signifikan pada Bacteroidetes dan presentase rendah pada Firmicutes, diikuti dengan <i>Prevotella</i> dan <i>Xylanibacter</i> , yang kurang pada anak-anak Uni Eropa dan <i>Enterobacteriaceae</i> (<i>Shigella</i> dan <i>Escherichia</i>) secara signifikan kurang pada anak pedesaan BF dibandingkan pada anak-anak EU. ¹³ |
| Diversity, compositional and functional differences between gut microbiota of children and adults | Djawad Radjabzadeh, Cindy G. Boer , Sanne A. Beth, dkk. | Penelitian ini merupakan penelitian non eksperimental dengan metode studi kohort berbasis populasi | Perbandingan kedua kelompok yakni pada anak – anak dan dewasa menunjukkan bahwa anak-anak memiliki keanekaragaman mikrobioma usus yang lebih rendah secara signifikan. Selanjutnya, kami mengamati kelimpahan relatif yang lebih tinggi dari genus <i>Bacteroides</i> pada anak-anak dan kelimpahan relatif lebih tinggi dari genus <i>Blautia</i> pada orang dewasa. ²¹ |
| Gut bacterial diversity of the tribes of India and comparison with the worldwide data | Madhusmita Dehingia, KanchalThangjam devi, NarayanC.Talukdar, Rupjyoti Talukdar, Nageshwar Reddy, Sharmila S. Mande, Manab Deka & Mojibur R. Khan | Penelitian ini merupakan penelitian analitik dengan tujuan untuk mengetahui pengaruh etnisitas dan geografi pada GBP suku Mongoloid dan Proto-Australoid di | Pada hasil penelitian ini mengatakan bahwa Bakteri usus inti keseluruhan dari semua suku di India ini terdiri dari <i>Prevotella</i> , <i>Faecalibacterium</i> , <i>Eubacterium</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Blautia</i> , <i>Collinsella</i> , <i>Ruminococcus</i> dan <i>Roseburia</i> yang ada di usus terlepas dari etnis, |

| | | | |
|---|---|--|---|
| | | India. | kebiasaan makan dan geografi mereka sedangkan bakteri <i>Faecalibacterium</i> , <i>Eubacterium</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Blautia</i> , <i>Ruminococcus</i> dan <i>Roseburia</i> ditemukan sebagai data populasi perwakilan dunia ²² |
| Intestinal Microbiota in Healthy U.S. Young Children and Adults—A High Throughput Microarray Analysis | Tamar Ringel-Kulka, Jing Cheng, Yehuda Ringel, Jarkko Salojarvi , Ian Carroll, Airi Palva, Willem M. de Vos, Reetta Satokari. | Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif analitik. | Pada penelitian ini mengungkapkan <i>Clostridium</i> cluster XIVa, <i>Ruminococcus obeum</i> et rel adalah takson yang paling dominan di kedua kelompok dan sama melimpah pada orang dewasa dan anak-anak. Bacteroidetes, filum ketiga yang lebih banyak pada orang dewasa dibandingkan pada anak-anak. Sebaliknya, <i>Actinobacteria</i> diamati menjadi yang paling banyak keempat pada kedua kelompok, dan lebih banyak pada anak-anak. Secara umum, anak-anak memiliki lebih banyak spesies basil dan tiga kelompok utama dari filum tersebut, <i>Streptococcus bovis</i> , <i>S. mitis</i> dan <i>S. intermedius</i> et rel. ²³ |

PEMBAHASAN

Sepanjang usia manusia, populasi mikrobiota dapat terus mengalami perubahan. Faktor-faktor yang diduga memengaruhi variasi ini adalah kolonisasi maternal, asupan, pajanan lingkungan, terapi antimikroba¹ dan infeksi ataupun penyakit dapat berperan dalam perubahan mikrobiota pada usus.²⁴ Mikrobioma usus memainkan peran kunci dalam metabolisme tubuh dan fungsi kekebalan tubuh, dan disbiosis mikroba selama awal kehidupan telah dikaitkan dengan perkembangan beberapa penyakit di kemudian hari, termasuk atopi, obesitas, kondisi inflamasi kronis, dan infeksi.²⁵ Eubiosis mikrobiota usus umumnya dari dua filum bakteri *Firmicutes* dan *Bacteroidetes* ditemukan dalam persentase yang lebih tinggi^{3 21 26 27 28} dan sementara spesies yang berpotensi patogen, seperti beberapa spesies yang termasuk dalam filum *Proteobacteria* dalam persentase kecil.²⁶ Sedikit berbeda dengan penelitian yang dilakukan di lima negara eropa utara dengan variasi individu yang berbeda dan rentan usia 7 – 54 tahun dimana *Clostridium coccoides* dan *Clostridium leptum* merupakan kelompok dominan diikuti

oleh *Bacteroides*.^{11 29} Penelitian lain mengatakan pada Anak-anak dari Burkina Faso (Afrika) memiliki pola makan yang sangat tinggi serat dan mikrobiota mereka memiliki sejumlah besar *Bacteroidetes* yang menghidrolisis polisakarida tumbuhan kompleks, dan *Firmicutes* yang jauh lebih rendah daripada mikrobiota dari kelompok Eropa.^{3 13} Pada penelitian Aldian et.al menunjukkan bahwa anak sekolah di Indonesia yang tinggal di perkotaan Makassar berbagai mikrobiota inti yang terdiridari *Bifidobacterium*, *Collinsella*, dan beberapa keluarga *Lachnospiraceae* dan *Ruminicoccaceae*.³⁰ Di Papua Nugini *Prevotella* sedikit lebih predominan di banding *Bacteroides*; ini mungkin merupakan cerminan dari pola makan dan gaya hidup manusia dalam pengaruhnya terhadap mikrobiota usus.³¹ Diet sangat berhubungan dengan enterotipe, karena individu dengan diet tinggi lemak hewani memiliki enterotipe yang didominasi *Bacteroides*, sedangkan diet kaya karbohidrat dikaitkan dengan enterotipe yang didominasi *Prevotella*.³² Hal tersebut berbeda dengan penelitian lain yang mengatakan bahwa *Bacteroides* berkurang secara signifikan, sedangkan *E.rectal* *C. kelompok coccoides* dan *Bifidobacterium* pada kelompok diet tinggi lemat.³³

Berdasarkan 16S rRNA sequencing gen, *Firmicutes* adalah bakteri yang paling banyak hidup di sistem pencernaan, diikuti oleh *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* dan *Proteobacteria*.^{34 35} Hal tersebut sejalan dengan penelitian Endang S et.al pada 80 individu dewasa di Yogyakarta dan Bali.² Temuan meta-analisis yang dilakukan menggunakan dataset besar Human Microbiome Project (HMP) menunjukkan bahwa variasi mikrobiota usus pada kelompok anak-anak Asia menjadi dua kelompok mirip enterotipe yakni *Prevotella* dan *Bacteroides / Bifidobacterium*.³⁶ Pada penelitian Wei et.al mikrobiota tinja anak - anak sebelum penyapihan terutama mengandung *Bacteroides* dan *Bifidobacterium*, dibandingkan ibu. Setelah penyapihan, mikrobioma tinja anak-anak sebagian besar dari jenis *Prevotella*, dengan penurunan kadar *Bifidobacterium*, sehingga menjadi lebih seperti mikrobioma tinja ibu.³⁷

Diketahui bersama faktor lingkungan, lokasi geografis dari berbagai suku, ras, sosial ekonomi daerah, etnis merupakan faktor kunci terhadap komposisi dan keragaman mikrobiota usus.^{38 39 40 41 42} dan latar belakang genetik serta budaya dapat memberikan perbedaan gambaran profil mikrobiota usus.^{13 43 44 45} Berdasarkan pada 39 individu dari berbagai negara dan benua (22 Eropa, 13 Jepang, 4 Amerika) di dapatkan Tiga enterotipe utama manusia berdasarkan genus atau kelompok bakteri tertentu. Enterotipe tersebut, yaitu *Bacteroides*, *Prevotella* , dan *Ruminococcus*.⁴⁶ Pada penelitian lain mengungkapkan pola makan dan faktor gaya hidup lainnya atas genetika atau etnis juga terlihat dari perbedaan komposisi mikrobioma usus antara pria dan wanita di Hadza yakni, *Treponema* yang jauh lebih tinggi pada wanita dan *Eubacterium* dan *Blautia* banyak pada pria.⁴⁷ Berbeda pada penelitian yang dilakukan oleh Young D et.al perbandingan analisis mikrobiota pada orang korea dengan individu dari Amerika Serikat, Cina dan Jepang. Secara umum, komunitas mikroba didominasi oleh lima filum yang diidentifikasi sebelumnya: *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Fusobacteria*, dan *Proteobacteria*.⁴⁸ Pola makan orang Barat yang kaya protein mungkin membedakan mikrobiota mereka dari orang-orang yang makan makanan berbasis karbohidrat sehingga pengaruh kebiasaan

makan dapat menentukan mikrobiota saluran pencernaan manusia.¹⁰⁻⁴⁹ Selain makanan, faktor lingkungan (air, sanitasi, kebersihan, dan polusi udara) dan gaya hidup berbeda antar negara, suku, ras dan populasinya. Perbedaan ini dapat mempengaruhi mikrobiota usus manusia.³¹⁻⁵⁰

KESIMPULAN DAN SARAN

Variabilitas mikrobiota pada saluran cerna manusia sangat beragam hal tersebut berhubungan terhadap berbagai faktor yakni, usia, genetik, jenis kelamin, metabolismik, diet, makanan, gaya hidup, lingkungan hidup, geografis, etnis, budaya dan sosio-ekonomi.⁴¹⁻⁵¹⁻⁵² Pada usia dewasa populasi bakteri *Firmicutes*, *Bacteroidetes* lebih dominan yang dikikuti *Prevotella*, *Actinobacteria* dan *Bifidobacterium* dibanding anak – anak yang dominan *Bacteroidetes/ Bifidobacterium*. Perubahan mikrobiota akan berubah sepanjang bertambahnya usia. Populasi mikrobiota dari berbagai suku dan ras pada umumnya sama tetapi adanya faktor geografis, etnis, gaya hidup dan sosio – ekonomi dapat memberikan perbedaan terhadap mikrobiota seperti *Ruminococcus*, *Fusobacteria*, *Proteobacteria*, *Collinsella*, *Faecalibacterium*, *Eubacterium*, *Blautia*, *Atopobium*. Namun, pengaruh pola hidup terhadap variasi mikrobiota saluran cerna membutuhkan penelitian lebih lanjut.

UCAPAN TERIMA KASIH

Puji syukur kepada Allah SWT, karena atas segala rahmat dan bimbingan-Nya penulis dapat menyelesaikan Karya Tulis Ilmiah ini. Penulis juga berterima kasih kepada peneliti-peneliti sebelumnya, serta keluarga, dosen pembimbing dan teman-teman yang senantiasa memberikan do'a dan dukungan sehingga penulisan hasil karya tulis ilmiah ini dapat terselesaikan.

DAFTAR PUSTAKA

1. Kurniati AM. Mikrobiota Saluran Cerna : Tinjauan dari Aspek Pemilihan Asupan Makanan - The Gut Microbiota : A Review of Diet Preferences. *JK Unila*. 2016;1(2):380-384.
2. Rahayu ES, Utami T, Mariyatun M, et al. Gut microbiota profile in healthy Indonesians. *World Journal of Gastroenterology*. 2019;25(12):1478-1491. doi:10.3748/wjg.v25.i12.1478
3. Yamashiro Y. Gut Microbiota in Health and Disease. *Annals of Nutrition and Metabolism*. 2018;71(3-4):242-246. doi:10.1159/000481627
4. Eggesbø M, Moen B, Peddada S, et al. Development of gut microbiota in infants not exposed to medical interventions. 2012;119(1):17-35. doi:10.1111/j.1600-0463.2010.02688.x. Development
5. Mulligan CM, Friedman JE. Maternal modifiers of the infant gut microbiota - metabolic consequences. 2018;235(1):1-18. doi:10.1530/JOE-17-0303.Maternal
6. Biasucci G, Benenati B, Morelli L, Bessi E, Boehm G. Cesarean delivery may affect the early biodiversity of intestinal bacteria. *Journal of Nutrition*. 2008;138(9):1796-1800.

doi:10.1093/jn/138.9.1796s

7. H Josepph, Connel ROS. Mechanisms of Succession in Natural Communities and Their Role in Community Stability and Organization. *Proceedings of the International Astronomical Union*. 2012;8(S293):263-269. doi:10.1017/S1743921313012957
8. Mohajeri MH, Brummer RJM, Rastall RA, et al. The role of the microbiome for human health: from basic science to clinical applications. *European Journal of Nutrition*. 2018;57(1):1-14. doi:10.1007/s00394-018-1703-4
9. Dominguez-Bello MG, Costello EK, Contreras M, et al. Delivery mode shapes the acquisition and structure of the initial microbiota across multiple body habitats in newborns. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2010;107(26):11971-11975. doi:10.1073/pnas.1002601107
10. Nakayama J, Watanabe K, Jiang J, et al. Diversity in gut bacterial community of school-age children in Asia. *Scientific Reports*. 2015;5:1-12. doi:10.1038/srep08397
11. O'Toole PW, Claesson MJ. Gut microbiota: Changes throughout the lifespan from infancy to elderly. *International Dairy Journal*. 2010;20(4):281-291. doi:10.1016/j.idairyj.2009.11.010
12. Quigley EMM. Gut bacteria in health and disease. *Gastroenterology and Hepatology*. 2013;9(9):560-569.
13. De Filippo C, Cavalieri D, Di Paola M, et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2010;107(33):14691-14696. doi:10.1073/pnas.1005963107
14. Sakamoto M, Ohkuma M. Reclassification of Xylanibacter oryzae Ueki et al. 2006 as Prevotella oryzae comb. nov., with an emended description of the genus Prevotella. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2012;62(11):2637-2642. doi:10.1099/ijss.0.038638-0
15. Nicholson JK, Holmes E, Kinross J, et al. Host-gut microbiota metabolic interactions. *Science*. 2012;336(6086):1262-1267. doi:10.1126/science.1223813
16. Rinninella E, Raoul P, Cintoni M, et al. What is the healthy gut microbiota composition? A changing ecosystem across age, environment, diet, and diseases. *Microorganisms*. 2019;7(1). doi:10.3390/microorganisms7010014
17. Teguh sarry Hartono. Profil mikroba usus pada anak usia 2-12 tahun dengan diare dan non diare di jakarta utara. Published online 2014:1-56.
18. Chong CW, Ahmad AF, Lim YAL, et al. Effect of ethnicity and socioeconomic variation to the gut microbiota composition among pre-adolescent in Malaysia. *Scientific Reports*. 2015;5(July):1-12. doi:10.1038/srep13338
19. Hopkins MJ, Sharp R, Macfarlane GT. Variation in human intestinal microbiota with age. *Digestive and Liver Disease*. 2002;34:S12-S18. doi:10.1016/S1590-8658(02)80157-8
20. King CH, Desai H, Sylvestsky AC, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. *PLoS ONE*. 2019;14(9):1-25. doi:10.1371/journal.pone.0206484
21. Radjabzadeh D, Boer CG, Beth SA, et al. Diversity, compositional and functional differences between gut microbiota of children and adults. *Scientific Reports*. 2020;10(1):1-13. doi:10.1038/s41598-020-57734-z

22. Dehingia M, Devi KT, Talukdar NC, et al. Gut bacterial diversity of the tribes of India and comparison with the worldwide data. *Scientific Reports*. 2015;5:1-12. doi:10.1038/srep18563
23. Ringel-Kulka T, Cheng J, Ringel Y, et al. Intestinal Microbiota in Healthy U.S. Young Children and Adults-A High Throughput Microarray Analysis. *PLoS ONE*. 2013;8(5). doi:10.1371/journal.pone.0064315
24. JRC. *The Human Gut Microbiota Overview and Analysis*; 2018. doi:10.2760/17381
25. Tamburini S, Shen N, Wu HC, Clemente JC. The microbiome in early life: Implications for health outcomes. *Nature Medicine*. 2016;22(7):713-722. doi:10.1038/nm.4142
26. Valerio Iebba, Valentina Totino, Antonella Gagliardi1 FS, Fatima Cacciotti, Maria Trancassini, Carlo Mancini, Clelia Cicerone, Enrico Corazziari FP, Schippa S. Eubiosis and dysbiosis: the two sides of the microbiota. *Journal of Cancer*. 2016;9(18):3236-3246. doi:10.7150/jca.26051
27. Jones CL. The impact of Gut Microbiota on Human health: An integrative view. 2015;33(4):395-401. doi:10.1038/nbt.3121.ChIP-nexus
28. Mutua MP, Muya S, Muita GM. A General Perspective of Microbiota in Human Health and Disease. *Archives of Clinical Microbiology*. 2020;11(2). doi:10.36648/1989-8436.11.2.106
29. Lay C, Rigottier-Gois L, Holmstrøm K, et al. Colonic microbiota signatures across five northern European countries. *Applied and Environmental Microbiology*. 2005;71(7):4153-4155. doi:10.1128/AEM.71.7.4153-4155.2005
30. Amaruddin AI, Hamid F, Koopman JPR, et al. The bacterial gut microbiota of schoolchildren from high and low socioeconomic status: A study in an urban area of makassar, indonesia. *Microorganisms*. 2020;8(6):1-12. doi:10.3390/microorganisms8060961
31. Greenhill AR, Tsuji H, Ogata K, et al. Characterization of the gut microbiota of Papua New Guineans using reverse transcription quantitative PCR. *PLoS ONE*. 2015;10(2):1-15. doi:10.1371/journal.pone.0117427
32. Wu GD, Chen J, Hoffmann C, et al. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. *Science*. 2011;334(6052):105-108. doi:10.1126/science.1208344
33. LEE Y-K. Effects of Diet on Gut Microbiota Profile and the Implications for Health and Disease. *Bioscience of Microbiota, Food and Health*. 2013;32(1):1-12. doi:10.12938/bmfh.32.1
34. Vrieze A, Holleman F, Zoetendal EG, De Vos WM, Hoekstra JBL, Nieuwdorp M. The environment within: How gut microbiota may influence metabolism and body composition. *Diabetologia*. 2010;53(4):606-613. doi:10.1007/s00125-010-1662-7
35. Thorasin T, Hoyles L, McCartney AL. Dynamics and diversity of the 'Atopobium cluster' in the human faecal microbiota, and phenotypic characterization of 'Atopobium cluster' isolates. *Microbiology (United Kingdom)*. 2015;161(3):565-579. doi:10.1099/mic.0.000016
36. Koren O, Knights D, Gonzalez A, et al. A Guide to Enterotypes across the Human Body: Meta-Analysis of Microbial Community Structures in Human Microbiome Datasets. *PLoS Computational Biology*. 2013;9(1). doi:10.1371/journal.pcbi.1002863
37. Khine WWT, Rahayu ES, See TY, et al. Indonesian children fecal microbiome from birth until weaning was different from microbiomes of their mothers. *Gut Microbes*. 2020;12(1). doi:10.1080/19490976.2020.1761240
38. Gupta VK, Paul S, Dutta C. Geography, ethnicity or subsistence-specific variations in human microbiome composition and diversity. *Frontiers in Microbiology*. 2017;8(JUN).

doi:10.3389/fmicb.2017.01162

39. Fontana A, Panebianco C, Picchianti-Diamanti A, et al. Gut microbiota profiles differ among individuals depending on their region of origin: An Italian pilot study. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2019;16(21). doi:10.3390/ijerph16214065
40. Bai J, Hu Y, Bruner DW. Composition of gut microbiota and its association with body mass index and lifestyle factors in a cohort of 7–18 years old children from the American Gut Project. *Pediatric Obesity*. 2019;14(4). doi:10.1111/ijpo.12480
41. Brooks AW, Priya S, Blekhman R, Bordenstein SR. Gut microbiota diversity across ethnicities in the United States. *PLoS Biology*. 2018;16(12):1-24. doi:10.1371/journal.pbio.2006842
42. Deschasaux M, Bouter KE, Prodan A, et al. Depicting the composition of gut microbiota in a population with varied ethnic origins but shared geography. *Nature Medicine*. 2018;24(10):1526-1531. doi:10.1038/s41591-018-0160-1
43. Suzuki TA, Worobey M. Geographical variation of human gut microbial composition. *Biology Letters*. 2014;10(2). doi:10.1098/rsbl.2013.1037
44. Gordon J, Yatsunenko T, Rey F, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*. 2012;486(7402):222-227. doi:10.1038/nature11053.Human
45. He Y, Wu W, Zheng H-M, et al. Author Correction: Regional variation limits applications of healthy gut microbiome reference ranges and disease models. *Nature Medicine*. 2018;24(12):1940-1940. doi:10.1038/s41591-018-0219-z
46. Arumugam M, Raes J, Pelletier E, et al. Enterotypes in the landscape of gut microbial community composition. *Nature*. 2013;3(1):1-12. doi:10.1038/nature09944.Enterotypes
47. Schnorr SL, Candela M, Rampelli S, et al. Gut microbiome of the Hadza hunter-gatherers. *Nature Communications*. 2014;5:1-12. doi:10.1038/ncomms4654
48. Nam Y Do, Jung MJ, Roh SW, Kim MS, Bae JW. Comparative analysis of korean human gut microbiota by barcoded pyrosequencing. *PLoS ONE*. 2011;6(7). doi:10.1371/journal.pone.0022109
49. Hehemann JH, Correc G, Barbeyron T, Helbert W, Czjzek M, Michel G. Transfer of carbohydrate-active enzymes from marine bacteria to Japanese gut microbiota. *Nature*. 2010;464(7290):908-912. doi:10.1038/nature08937
50. Lawley B, Otal A, Moloney-Geany K, et al. Fecal microbiotas of Indonesian and New Zealand children differ in complexity and bifidobacterial taxa during the first year of life. *Applied and Environmental Microbiology*. 2019;85(19):1-14. doi:10.1128/AEM.01105-19
51. Consortium THMP. Structure, Function and Diversity of the Healthy Human Microbiome. *Nature*. 2013;486(7402):207-214. doi:10.1038/nature11234.Structure
52. Davenport ER, Cusanovich DA, Michelini K, Barreiro LB, Ober C, Gilad Y. Genome-wide association studies of the human gut microbiota. *PLoS ONE*. 2015;10(11):1-22. doi:10.1371/journal.pone.0140301