BIODIVERSE: Jurnal Biodiversitas dan Bioteknologi

https://ejournal.umbandung.ac.id/index.php/biodiverse/index

ISSN: 3089-1671

Perbandingan Efektivitas Mikroba Hasil Rekayasa Genetik dan Mikroba Alami dalam Bioremediasi Polutan Lingkungan : kajian literatur

Comparison of Effectiveness of Genetically Engineered Microbes and Natural Microbes in Bioremediation of Environmental Pollutants: a literature review

Neva Afifah Putri suharja[1]*, Fadly Hidayaturochman[1], Tsabitna Amalia Ihsani[1]

[1] Departemen Bioteknologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Muhammadiyah Bandung

*Corresponding author: Jalan Soekarno-Hatta No. 752 Kota Bandung, Provinsi Jawa Barat, 40614, Indonesia.
E-mail addresses: nevnev17@gmail.com

2025 BIODIVERSE: Jurnal Biodiversitas dan Bioteknologi

Abstract

Environmental pollution has emerged as an increasingly pressing issue, threatening human health, ecosystems, and the sustainability of natural resources. Genetically modified microbes are designed to have a higher degradation ability of harmful compounds compared to natural microbes, thereby increasing the efficiency of enzymes involved in this process. The objectives of this research include: analyzing the potential of genetically engineered microbes in degrading environmental pollutants, evaluating the efficiency and resistance of genetically engineered microbes and natural microbes, examining the implications of using genetically modified microbes on environmental sustainability and ecosystem safety, and analyzing the Genetic Engineering Organism (GEO) microbial control system post-bioremediation. The method of writing this literature review uses online-based literature searches with sources from Google Scholar, PubMed, and ScienceDirect. GEO microbes have the potential to degrade environmental pollutants and are superior to natural microbes due to their specificity, high efficiency, and eco-friendly nature. Several GEO strains, such as *E. coli* JM109 (22.7–52.2% mercury degradation), *Anabaena sp*. PCC 7120 (98% lindane), *Pseudomonas fluorescens* HK44 (61.09% naphthalene), P. putida KT2442 (octane, camphor, xylene, naphthalene), and *Deinococcus radiodurans* (90% uranium, Cr, toluene), have proven effective. However, the release of GEO microbes into the environment poses a risk to ecosystem balance. Their population can be controlled through composting and other reduction strategies.

Article info

Article history:
Received : 03 February 2025
Revised : 09 April 2025
Accepted : 11 June 2025
Available online : 22 August 2025

Keywords:
Bioremediation
GEO microbes
natural microbes
pollutants

1. PENDAHULUAN

Pencemaran lingkungan saat ini menjadi masalah yang semakin mendesak, mengancam kesehatan manusia, ekosistem, dan keberlanjutan sumber daya alam. Aktivitas industri, pertanian, dan transportasi yang terus meningkat berkontribusi pada pelepasan berbagai polutan ke dalam tanah, air, dan udara. Polutan tersebut mencakup berbagai senyawa organik seperti hidrokarbon, pestisida, dan logam berat yang dapat menyebabkan kerusakan jangka panjang [1]. Untuk menanggulangi masalah tersebut diperlukan suatu usaha pembersihan (*clean up*) atau sering disebut remediasi atau rehabilitasi dari lingkungan yang tercemar. Remediasi lingkungan yang tercemar dapat dilakukan dengan beberapa cara, diantaranya dengan cara kimia, fisika, dan biologi. Remediasi secara biologi disebut sebagai bioremediasi [2].

Bioremediasi adalah proses yang memanfaatkan mikroorganisme untuk menghilangkan atau menetralkan polutan dari lingkungan. Teknologi ini menawarkan pendekatan yang ramah lingkungan dan berkelanjutan dalam membersihkan area yang terkontaminasi. Secara umum, bioremediasi dapat terjadi secara alami tanpa campur tangan manusia, namun proses tersebut akan berlangsung sangat lama karena terkadang tidak semua mikroba yang terdapat dalam lingkungan tercemar memiliki kemampuan untuk mendegradasi polutan [3]. Hanya sebagian kecil dari total mikroba yang mampu melakukan biodegradasi, sehingga proses adaptasi dan degradasi menjadi lebih lambat [4]. Oleh karena itu, diperlukan upaya yang lebih efektif dan inovatif untuk mengatasi tantangan ini, termasuk penerapan teknologi bioremediasi yang memanfaatkan campur tangan manusia dan teknologi terutama dalam bidang bioteknologi, salah satunya adalah mikroba hasil rekayasa genetika [5].

Mikroba yang telah dimodifikasi secara genetik dirancang untuk memiliki kemampuan degradasi yang lebih tinggi terhadap senyawa berbahaya dibandingkan dengan mikroba alami. Dengan cara ini, biotransformasi dan biodegradasi polutan dapat berlangsung lebih cepat dan efektif, menghasilkan senyawa yang lebih aman bagi lingkungan [6]. Penggunaan mikroba rekayasa genetika dalam bioremediasi tidak hanya mempercepat waktu pemulihan lingkungan tetapi juga dapat menekan biaya operasional secara signifikan. Proses bioremediasi dengan mikroba hasil rekayasa genetika seringkali mengurangi waktu remediasi dari tahun menjadi bulan. Selain itu, efisiensi yang lebih tinggi dalam degradasi polutan memungkinkan pengurangan biaya bahan kimia dan tenaga kerja. Dengan demikian, pendekatan ini tidak hanya efektif tetapi juga ekonomis dalam menangani pencemaran [7].

Urgensi penggunaan mikroba rekayasa genetika dalam bioremediasi semakin meningkat seiring dengan bertambahnya jumlah lokasi terkontaminasi di seluruh dunia. Dalam menghadapi ancaman pencemaran yang terus berkembang, teknologi ini memberikan harapan baru untuk pemulihan lingkungan yang lebih cepat dan efisien. Selain itu, penggunaan mikroba hasil rekayasa genetika dapat membantu mengurangi dampak negatif dari metode bioremediasi konvensional yang sering kali merugikan ekosistem karena adanya kemungkinan kontaminan organik tidak terurai sepenuhnya. Hal ini dapat menghasilkan produk sampingan yang beracun, yang mungkin lebih mudah bergerak dan menyebar dibandingkan dengan kontaminasi awal. Dengan demikian, inovasi ini menjadi solusi penting untuk menciptakan lingkungan yang lebih bersih dan berkelanjutan bagi generasi mendatang [8].

Melalui penelitian dan pengembangan lebih lanjut, bioremediasi berbasis mikroba rekayasa genetika diharapkan dapat menjadi solusi efektif untuk tantangan pencemaran di masa depan. Pendekatan ini tidak hanya akan meningkatkan efektivitas pembersihan tetapi juga memberikan kontribusi positif terhadap kesehatan masyarakat dan kelestarian lingkungan. Dengan memanfaatkan teknologi mutakhir, masalah pencemaran dapat ditangani secara menyeluruh dan berkelanjutan [9].

Metode konvensional umumnya dilakukan dengan memanfaatkan mikroba indigen di daerah tercemar untuk secara alami mendegradasi polutan dengan bantuan penambahan nutrisi. Namun demikian seiring dengan majunya peradaban, polusi lingkungan juga semakin meningkat sehingga ekplorasi mikroba untuk meningkatkan kualitas bioremediasi juga semakin banyak dilakukan. Salah satu cara yang digunakan adalah dengan merekonstruksi mikroba lewat teknologi rekayasa genetika. Teknik ini dilakukan untuk memulihkan lingkungan dengan memanfaaatkan mikroba yang dimodifikasi secara genetik agar menjadi lebih unggul [7]. Beberapa contoh nyata aplikasi bakteri hasil rekayasa genetika dalam bioremediasi telah berhasil dilakukan. Misalnya, *Pseudomonas fluoresence* HK44 yang dimodifikasi dengan gen penghasil bioluminesensi dan gen katabolik naftalena digunakan untuk mendegradasi hidrokarbon poliaromatik seperti naftalena, sekaligus berfungsi sebagai biosensor bioluminesen in-situ [10]. *Pseudomonas putida* KT2442 juga telah direkayasa sebagai superbug, yaitu mikroba dengan kemampuan yang ditingkatkan, untuk

mendegradasi berbagai senyawa hidrokarbon secara bersamaan [7]. Selain itu, *Escherichia coli* strain JM109 yang dimodifikasi dengan gen MerA dari Pseudomonas dapat mereduksi merkuri menjadi bentuk yang kurang toksik [11]. *Anabaena sp*. PCC7120 rekombinan mampu mendegradasi lebih dari 98% lindane dalam waktu 6-10 hari [12]. Sedangkan *Deinococcus radiodurans* hasil rekayasa telah digunakan untuk mengendapkan uranium lebih dari 90% dan mereduksi Cr(VI) menjadi Cr(III) [13] [14].

Tujuan penilitian ini meliputi analisis potensi mikroba rekayasa genetik dalam mendegradasi polutan lingkungan, evaluasi efektifitas mikroba hasil rekayasa genetik dalam mendegradasi polutan, pengkajian implikasi penggunaan mikroba hasil rekayasa genetik terhadap keberlanjutan lingkungan dan keamanan ekosistem, serta analisis sistem pengendalian mikroba *Genetically Engineered Organism* (GEO) pasca-bioremediasi.

2. METODE

Metode penulisan kajian literatur ini menggunakan penelusuran literatur berbasis online dengan sumber berasal dari Google Scholar, PubMed, dan ScienceDirect. Pencarian literatur dilakukan secara sistematis dengan menggunakan kombinasi kata kunci seperti "*genetically engineered microbes bioremediation*", "*microbial degradation pollutants*", "*synthetic biology environmental cleanup*", dan "*genetically modified organisms environmental risk*". Kajian ini mencakup artikel ilmiah, penelitian relevan, dan publikasi yang diterbitkan antara tahun 1988 hingga 2024. Dari hasil pencarian awal yang menghasilkan ratusan artikel, sebanyak 31 artikel jurnal, 1 bab buku/prosiding, 1 laporan teknis, dan 1 tesis dipilih berdasarkan relevansi topik dan ketersediaan teks lengkapnya, serta digunakan untuk menjawab tujuan penelitian ini. Kajian literatur ini akan mencakup analisis mendalam terhadap artikel-artikel tersebut untuk mengevaluasi potensi, efisiensi, dan ketahanan mikroba hasil rekayasa genetik serta mikroba alami dalam bioremediasi polutan lingkungan. Selain itu, implikasi penggunaan mikroba hasil rekayasa genetik terhadap keberlanjutan lingkungan dan keamanan ekosistem, serta sistem pengendalian mikroba GEO pasca-bioremediasi, juga menjadi fokus analisis dalam kajian ini.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Menganalisis Potensi Mikroba Rekayasa Genetik dalam mendegradasi polutan lingkungan

Penggunaan mikroba yang telah dimodifikasi secara genetik menawarkan potensi yang jauh lebih besar dibandingkan mikroba alami dalam menangani polutan yang sulit terdegradasi. Mikroba alami sering kali terbatas dalam kemampuannya untuk mendegradasi polutan kompleks seperti hidrokarbon (minyak bumi), pestisida, dan logam berat. Namun, dengan rekayasa genetika atau menggunakan teknologi DNA rekombinan, organisme hidup dapat dimodifikasi untuk memiliki karakterisitik atau kemampuan baru yang diinginkan, seperti peningkatan efisiensi degradasi polutan. Organisme hidup dapat dimodifikasi untuk memproduksi enzim-enzim yang mampu memecah senyawa tersebut [15]. Beberapa enzim mikroba yang diproduksi oleh teknologi DNA rekombinan untuk peningkatan bioremediasi dapat dilihat pada Tabel 1.

Hidrolase adalah enzim yang memecah ikatan kimia menggunakan air, menghasilkan senyawa yang lebih kecil dan kurang toksik. Enzim ini dapat memutus berbagai ikatan seperti C–C, C–O, dan C–N. Dibidang bioremediasi, hidrolase mikroba dari genus Achromobacter, Pseudomonas, dan Bacillus cereus, telah banyak dimanfaatkan untuk menghidrolisis berbagai jenis pestisida termasuk karbofuran, parathion, dan diazinon. Secara spesifik detoksifikasi senyawa organofosfat (OP), yang dikenal sebagai pestisida neurotoksik, dapat dilakukan melalui hidrolisis ikatan fosfor-ester, yang mengubahnya menjadi senyawa yang lebih sederhana dan kurang berbahaya [20]. Untuk meningkatkan efektivitas proses ini, rekayasa genetika telah diterapkan; misalnya, gen organofosfat hidrolase dari Pseudomonas diminuta yang diekspresikan dalam E. coli menunjukkan efektivitas detoksifikasi parathion dan metil parathion berkisar antara 10–80% dan 3,6–45% [16]. Dalam penelitian [21] menunjukkan bahwa enzim ini dapat terikat pada vesikel membran luar (OMV) bakteri Gram-negatif, meningkatkan efektivitas degradasi OP.

Lakase adalah enzim oksido-reduktase yang mengkatalisis oksidasi senyawa aromatik dan reduksi oksigen menjadi air. Enzim ini bersifat termostabil dan memiliki spesifisitas substrat yang luas, mampu mengoksidasi senyawa fenolik, amina aromatik, hingga zat non-fenolik. Hal ini memungkinkan lakase digunakan dalam bioremediasi berbagai polutan seperti hidrokarbon aromatik polisiklik (PAH) dan pewarna sintetis. Lakase mengubah PAH menjadi kuinon yang kemudian dapat terdegradasi lebih lanjut menjadi senyawa yang lebih aman, seperti CO_2. Enzim ini juga efektif dalam detoksifikasi air limbah, termasuk menghilangkan warna dan degradasi kontaminan fenolik dari pewarna tekstil [22].

Tabel 1. Enzim mikroba yang diproduksi oleh teknologi DNA rekombinan untuk peningkatan bioremediasi

Enzim rekombinan	**Bakteri inang**	**Asal**	**Aplikasi**	**Hasil**
Hydrolase OPH	E. coli DH5*a*	*Pseudomonas diminuta*	Biodegradasi insektisida organofosfat	Mampu mendetoksifikasi parathion dan metilparathion dalam rentang efisiensi antara 10–80% dan 3,6–45% [16]
Lakase CueO	*P. pastoris* GS115	*E. coli* K12	Dekolorisasi air limbah dari pabrik percetakan tekstil	Mampu mendekolorasi hingga 98,1% Congo red dan 98,5% malachite green dengan bantuan acetosyringone, serta 90,03% Remazol brilliant blue R tanpa mediator, menunjukkan efektivitas tinggi terhadap berbagai pewarna sintetis.[17]
Lakase CotA	*E. coli* DH5	*B. subtilis*	Degradasi pewarna sintetis	Mampu menghilangkan pewarna antrakuinonik dan azo hingga >90% dalam 3 jam pada pH 7,0 dan 9,0 dengan mediator seperti methylsyringate, serta tetap aktif setelah 10 jam pada suhu 80 °C.[18]
CYP105D1	*Bakteri Acinetobacter calcoaceticus*	*Bakteri Streptomyces griseus*	Degradasi herbisida polutan	*Acinetobacter calcoaceticus* mampu tumbuh pada klortoluron dan mengoksidasi berbagai xenobiotik.[19]

Enzim sitokrom P450 (EC 1.14.14.1) adalah enzim yang mengandung heme dan ditemukan pada berbagai organisme, berperan penting dalam metabolisme xenobiotik melalui reaksi seperti hidroksilasi, epoksidasi, dealkilasi, dan dehalogenasi. Reaksi-reaksi ini membantu meningkatkan kelarutan, mengurangi toksisitas, dan memfasilitasi ekskresi senyawa asing, termasuk polutan terhalogenasi dan hidrokarbon [23]. Aktivitas katalitik P450 melibatkan oksigen molekuler dan kofaktor NADH/NADPH untuk membentuk spesies oksigen reaktif yang mampu mendegradasi polutan. Studi rekayasa protein, seperti ekspresi gen P450 CYP105D1 dari Streptomyces griseus pada Acinetobacter calcoaceticus, telah menunjukkan potensi bioremediasi terhadap herbisida dan senyawa pertanian persisten [24] [25].

Selain itu, salah satu aplikasi besar mikroba rekayasa genetika adalah dalam mengatasi polutan logam berat seperti merkuri (Hg), timbal (Pb), kadmium (Cd), dan arsenik (As). Mikroba alami sering kali tidak mampu mengatasi polutan logam berat ini, atau hanya bisa mengatasi dalam konsentrasi yang rendah. Namun, dengan rekayasa genetika, mikroba dapat dimodifikasi

untuk meningkatkan kemampuan mereka dalam mengurangi atau menghilangkan logam berat melalui proses bioakumulasi dan biotransformasi. Sebagai contoh, kloning gen metallothionein (MT), yaitu protein yang dapat mengikat logam, telah dilakukan pada bakteri seperti E. coli. Dalam suatu penelitian menunjukkan bahwa penggabungan MT manusia dengan gen lain pada E. coli meningkatkan kemampuan bakteri tersebut untuk menyerap logam berat hingga 3-5 kali lipat lebih besar dibandingkan mikroba alami [5]. Semakin tinggi tingkat penyerapan logam berat oleh mikroba, semakin efektif proses bioremediasi yang dilakukan, karena konsentrasi logam berat yang terdapat dalam lingkungan akan semakin berkurang.

Teknik DNA rekombinan lain yang digunakan adalah Biosensor mikroba menggunakan teknik biologi sintetis (SynBio). Biosensor ini menawarkan cara yang cepat, efisien, dan spesifik untuk mendeteksi keberadaan logam berat. Salah satunya bakteri Escherichia coli MC106 yang diimobilisasi dilengkapi dengan sirkuit genetik pmerRBPmerlux serta biosurfaktan rhamnolipid membantu meningkatkan laju pelepasan merkuri dari tanah ke dalam air, sehingga meningkatkan konsentrasi merkuri yang dapat dideteksi oleh sirkuit genetic [3]

Sirkuit genetik pmerRBPmerlux berfungsi sebagai sistem reporter genetik untuk mendeteksi keberadaan dan aktivitas gen tertentu. Sistem ini menggabungkan promoter pmer yang responsif terhadap merkuri dengan gen pelapor lux, yang menghasilkan cahaya. Ketika merkuri terdeteksi, promoter pmer diaktifkan dan mengekspresikan gen lux, sehingga bakteri memancarkan cahaya sebagai indikator. Hal ini menjadikan biosensor sebagai alat yang efektif untuk pemantauan kontaminasi merkuri secara cepat dan akurat di lingkungan tercemar [26] [27].

Berdasarkan penjelasan tersebut, mikroba hasil rekayasa genetika memiliki kemampuan adaptasi dan degradasi yang lebih unggul dibandingkan mikroba alami, termasuk ketahanan terhadap stres lingkungan seperti suhu ekstrem, pH tidak normal, dan zat beracun, seperti hasil yang ditunjukkan dalam Tabel 1. Kemampuan adaptasi dan ketahanan ini menjadikan mikroba hasil rekayasa genetika jauh lebih efektif daripada mikroba alami dalam menghadapi kondisi lingkungan yang menantang tersebut. Bioremediasi berbasis rekayasa genetika pun menawarkan keunggulan, seperti degradasi polutan yang lebih cepat dan spesifik karena teknik penyuntingan gen, serta minimnya limbah berbahaya baru, sehingga lebih aman dibandingkan metode konvensional [3].

3.2 Efektifitas Mikroba Hasil Rekayasa Genetik dalam Mendegradasi Polutan

Mikroba dapat bertahan dilingkungan toksik karena kemampuan adaptasinya dalam mengubah subtansi toksik dari polutan menjadi sumber energi. Hal ini menjadikan mikroba sering digunakan sebagai agen bioremediasi [12].

Tabel 2. Bakteri hasil rekayasa genetik yang mampu mendegradasi polutan

Mikroba Hasil Rekayasa Genetik	**Jenis Polutan**	**Kemampuan remediasi**	**Sumber**
Escherichia coli strain JM109	Merkuri (Hg)	22,7%-52,2%	[11][12]
Anabaena sp. PCC 7120	Lindane	98%	[12]
Pseudomonas fluoresence HK44	Naphthalene	61,09%	[10]
Pseudomonas putida KT2442	Octane, camphor, xylene, dan naphthalene	-	[7]
Deinococcus radiodurans	Radionuklida uranium, Cr, toluena	90%	[13]

Tabel 2. menampilkan beberapa spesies bakteri hasil rekayasa genetik yang mampu mendegradasi berbagai jenis polutan. Polutan tersebut meliputi logam berat seperti Cr, Cd, Hg, dan Pb; senyawa organik seperti pestisida; serta hidrokarbon atau minyak. Meskipun senyawa-senyawa ini dibutuhkan dalam jumlah tertentu, akumulasi yang melebihi ambang batas dapat bersifat toksik dan membahayakan lingkungan [28].

Mikroba yang hidup di lingkungan tercemar secara alami mengembangkan kemampuan bioabsorpsi dan bioakumulasi logam berat dalam batas tertentu. Kontaminasi lingkungan oleh logam berat umumnya sulit diatasi oleh bakteri alami, sehingga diperlukan bakteri yang sudah direkayasa genetiknya untuk mengatasi masalah ini. Bakteri *Escherchia coli* strain JM109 memiliki kemampuan untuk mendegradasi merkuri yang terdapat di air, tanah, atau sedimen yang tercemar. Bakteri transgenik ini sudah disisipi oleh gen MerA yang mampu menghilangkan merkuri. Gen MerA akan mengekspresikan metalotioneins dan polifosfat kinase yang mampu mengikat logam secara efektif [12]. Merkuri (Hg) adalah salah satu logam berat paling beracun

yang dapat dilepaskan ke lingkungan. Logam cair ini dapat berdampak pada kesehatan manusia dan menyebabkan gangguan pernafasan dan kerusakan sistem saraf bila terhirup, tertelan atau terserap oleh kulit. Selain bioakumulasi Hg, ekspresikan protein metalotioneins juga mampu meningkatkan bioakumulasi logam Zn, Cd, dan Pb pada bakteri transgenik *E.coli* [28].

Bakteri *Escherchia coli* umumnya tidak memiliki kemampuan dalam mereduksi merkuri, namun demikian beberapa isolat yang diambil dari lingkungan memiliki kemampuan tersebut. kemampuan *E.coli* dalam mereduksi merkuri diperoleh sebagai hasil dari adaptasinya terhadap polutan yang berada dilingkungannya. Bakteri ini mengembangkan mekanisme resistensi akibat terpapar oleh merkuri dalam jangka waktu tertentu. Namun demikian efektifitasnya sangat bergantung pada kondisi lingkungan dan kemampuan adaptasinya. Beberapa penelitian yang dilakukan di Teluk Manado menunjukan bahwa sebagian besar *E.coli* lebih bererkemampuan dalam mengoksidasi merkuri dimana hal ini dapat meningkatkan resiko pencemaran lingkungan bila tidak dikelola dengan baik dan hanya sebagian kecilnya saja yang mampu mereduksi merkuri menjadi kurang toksik [29].

Penyisipan gen MerA pada bakteri *E.coli* meningkatkan efektifitas bakteri dalam mereduksi logam merkuri (Hg^{2+}) menjadi bentuk elemental yang kurang toksik (Hg^0). Bakteri rekombinan *Escherichia coli* strain JM109 mampu mereduksi 22,7% merkuri dalam waktu 12 jam dan bisa lebih banyak lagi hingga mencapai 52,2% bergantung pada isolat dan kondisi percobaan. Gen MerA yang disisipkan umumnya berasal dari plasmid yang di kloning dari Pseudomonas [11].

Anaebaena memiliki potensi dalam mendegradasi polutan organik (polutan yang berasal dari senyawa organik) yang tersebar di lingkungan yang terkontaminasi. *Anabaena* sp. adalah bakteri genus Cyanobacteria yang hidup bersimbiosis dengan tanaman azolla dan berperan dalam fiksasi nitrogen. Seiring perkembagan teknologi di bidang pertanian, penggunaan senyawa organik organofosfat dan organoklorin sebagai pestisida sudah lumlah dilakukan dan telah terbukti menyebabkan pencemaran lingkungan yang serius. Salah satu yang sering digunakan adalah pestisisda organoklorin lindane (γ-hexachlorocyclohexane). Lindane adalah pestisida yang digunakan untuk mengendalikan serangga, mengobati kudis, dan sebagai perlakuan benih, namun residunya di tanah dan air dapat menjadi racun bagi manusia dan lingkungan sehingga perlu dihilangkan. Anabaena menjadi kandidat yang baik untuk bioremediasi karena kemampuan toleransinya yang tinggi. Kendati paparan lindane menyebabkan stress dan memberi dampak buruk pada proses fisiologis fotosintesis dan fiksasi nitrogen Anabaena, namun demikian bakteri ini masih mampu bertahan. Oleh sebab itu bakteri ini menjadi model percobaan dalam rekayasa genetik untuk menjadi mikroba pendegradasi lindane. Dan terbukti, *Anaebaena* sp. PCC7120 rekombinan dapat mendegradasi lebih dari 98% dari 10 ppm lindane dalam waktu 6 sampai 10 hari [12]. Bakteri ini telah disisipi oleh gen linA2, yang mengkode hexachlorocyclohexane dehydrochlorinase dari *Sphingomonas paucimobilis* B90. Enzim dehidroklorinase yang diekspresikan dapat mengkatalis struktur kimia lindane menjadi bentuk yang lebih aman. Namun demikian potensi bakteri hasil rekayasa ini masih perlu dieksplor lebih lanjut untuk melihat efektivitasnya dalam mengatasi pencemaran pestisida di lingkungan [30].

Pada umumnya komunitas mikroba indigen di lokasi tumpahan minyak mampu mendegradasi hidrokarbon, namun lajunya sangat lambat sehingga minyak akan mencapai garis pantai sebelum hidrokarbon diubah ke bentuk yang lebih sederhana. Untuk mendapatkan mikroorganisme yang mampu beradaptasi di lingkungan dengan salinitas tinggi dan mampu mendegradasi banyak hidrokarbon dalam waktu singkat maka perlu dilakukan dengan memodifikasi mikroorganisme secara genetik menggunakan teknik rekayasa genetik. beberapa bakteri yang berhasil dimanipulasi genetiknya yakni *Pseudomonas fluoresence* HK44 dan *Pseudomonas putida* KT2442 [7].

Pseudomonas fluoresence HK44 merupakan organisme transgenik pertama yang dilepaskan ke lingkungan untuk tujuan bioremediasi. Bakteri yang digunakan yakni dari galur *Pseudomonas fluoresence* yang dinamai HK44. Galur induk yang menjadi asal HK44 diisolasi dari fasilitas pabrik gas buatan yang sangat terkontaminasi hidrokarbon poliaromatik (PAH). Galur HK44 mengandung gen lux penghasil bioluminesensi berbasis transposon yang menyatu dalam promotor untuk gen katabolik naftalena. Selain itu, Plasmid katabolik naftalena pUTK21 dimasukkan ke dalam galur ini untuk membentuk *P. Fluorescens* HK44 sehingga bakteri ini mampu mendegradasi hidrokarbon poliaromatik seperti naftalena dan secara bersamaan memberikan respon biolumenesensi. Dengan begitu, *Pseudomonas fluoresence* HK44 selain dapat berfungsi untuk mendegradasi naftalena juga dapat menjadi alat pemantau bioremediasi in situ lewat persinyalan bioluminesensi [10]. Efektifitas bakteri ini dalam mendegradasi naftalena tergantung pada kondisi lingkungan dan konsentrasi naftalena sehingga belum ada angka yang pasti, namun kemungkinan ia dapat mendegradasi naftalena hingga 61,09% atau lebih dengan kemampuan

unggulnya seperti beberapa strain Pseudomonas lainnya [31].

Pseudomonas putida KT2442 dikenal juga sebagai superbug pemakan minyak. Bakteri ini dikembangkan oleh seorang ahli mikrobiologi Amerika. Ia menggunakan 4 strain Pseudomonas yang masing-masing mengandung plasmid yang dapat mendegradasi oktan, kamper, xilena, dan naftalena. Keempat plasmid tersebut kemudian diisolasi dan dimasukan ke dalam satu strain Pseudomonas putida sehingga dihasilkan superbug. Dibandingkan dengan strain Pseudomonas lainnya yang umumnya hanya bisa mendegradasi satu jenis polutan hidrokarbon saja, superbug ini mampu mendegradasi oktan, kamper, xilena, dan naftalena secara bersamaan. Efisiensi degradasi hidrokarbon ditingkatkan melalui rekayasa genetika dengan memanipulasi secara genetik jalur metabolisme untuk menghasilkan laju degradasi yang lebih tinggi atau untuk memasukkan jalur metabolisme baru ke dalam strain bakteri untuk mendegradasi senyawa polutan, seperti yang dilakukan pada bakteri *Pseudomonas putida* KT2442 [7].

Deinococcus radiodurans adalah mikroorganisme dengan ketahanan radiasi pengion paling tinggi di dunia, dan juga dapat menahan berbagai tekanan ekstrem lainnya. *D. radiodurans* (wild-type) dapat langsung digunakan untuk penyerapan uranium dalam air limbah radioaktif yang berasal dari industri nuklir. Uranium adalah radionuklida yang terjadi secara alami, dan salah satu polutan radioaktif yang paling umum di tanah, sedimen dan air tanah. Uranium memiliki waktu paruh yang panjang dan akan menyebabkan polusi serius pada lingkungan. Uranium dapat menyebabkan kerusakan pada hati, ginjal, sistem saraf, sistem kekebalan tubuh, dan bahkan menyebabkan kematian. *D. radiodurans* memiliki dinding sel yang jauh lebih tebal daripada bakteri biasa dan mengandung banyak gen yang tahan radiasi, seperti gen pprI, pprM, dan ddrA yang membuatnya tahan terhadap radiasi. Selain itu, ia juga memiliki gen recA yang mudah dikombinasikan dengan DSB (fragmen DNA untai ganda) yang membuatnya dapat memperbaiki DNA yang rusak dengan cepat dan efisien. Bakteri ini sangat cocok untuk dijadikan model rekayasa genetik [13].

D. radiodurans yang direkayasa agar dapat mengekspresikan gen phoN mampu mengendapkan uranium lebih dari 90% dalam kurun waktu 6 jam dari larutan uranyl nitrate 0,8 mM [14]. Ada pula *D. radiodurans* galur Tod/Xyl merupakan bakteri *D. radiodurans* yang direkayasa dengan penyisipan gen tod dan xyl dari *Pseudomonas putida*. Galur ini memiliki kemampuan untuk mereduksi Cr(VI) yang semula toksik menjadi Cr(III) yang tidak terlalu toksik dan juga mampu mendegradasi toluena. Selain itu para peneliti juga mentransfer gen fungsional lainnya seperti plasmid pSN4 ke dalam *D. radiodurans* sehingga bakteri tersebut memiliki beberapa fungsi lain yang pada awalnya tidak dimilikinya. Penambahan plasmid pSN4 membuatnya mampu menahan radiasi jangka panjang dan mengendapkan uranium dengan cepat [13]. Efektivitas *D. radiodurans* dalam meremediasi dipengaruhi oleh banyak faktor seperti kondisi anaerob, pH, dan keberadaan senyawa lain seperti asam humat.

3.3 Implikasi Penggunaan Mikroba Hasil Rekayasa Genetik terhadap Lingkungan

Kendati memiliki kemampuan yang lebih unggul, penggunaan mikroba hasil rekayasa genetik di lingkungan untuk tujuan bioremediasi memiliki manfaat dan resiko yang signifikan. Mikroba hasil rekayasa genetik yang digunakan untuk mengatasi pencemaran lingkungan seperti limbah logam berat, limbah pestisida ataupun tumpahan minyak memiliki keunggulan lebih ramah lingkungan dibandingkan dengan penggunaan bahan kimia. Prosesnya juga lebih murah, efektif, dan efisien karena mikroba transgenik tersebut memiliki sifat yang lebih unggul dibandingkan dengan mikroba alami yang terdapat di lingkungan tercemar sehingga proses degradasi polutan bisa berlangsung lebih cepat. Mikroba hasil rekayasa genetik dapat beradaptasi terhadap stress lingkungan. Ia memiliki kemampuan bertahan hidup lebih baik di lingkungan ekstrim yang memungkinkannya berfungsi secara optimal dalam kondisi dimana lingkungan tersebut tidak mendukung pertumbuhan optimal mikroba alami [25].

Namun demikian penggunaan mikroba hasil rekayasa genetik di lingkungan juga memiliki resiko dan tantangannya tersendiri. Penyebaran mikroba hasil rekayasa ke lingkungan dikhawatirkan dapat mengganggu keseimbangan ekosistem alami dilingkungan tersebut. Mikroba yang dilepaskan mampu bersaing dengan spesies lokal sehingga dapat mengubah struktur komunitas mikroba dan berdampak pada penurunan keanekaragaman hayati. Selain itu, resiko kontaminasi genetik juga tidak bisa diabaikan. Gen-gen yang dibawa oleh mikroba transgenik dapat berpindah atau diturunkan secara horizontal kepada spesies lain lewat proses persilangan atau kontaminasi, sehingga dikhawatirkan akan menyebabkan kemunculan spesies baru dengan sifat-sifat yang tidak diharapkan [34].

Oleh karena itu pelepasan mikroba hasil rekayasa genetik ke lingkungan tidak bisa sembarangan dilakukan. Diperlukan regulasi ketat dan penilaian resiko komperehensif untuk

memastikan manfaat dan tidak menganggu keseimbangan ekosistem. Sebagai contoh, *European Food Safety Authority* (EFSA) berperan dalam menilai potensi risiko organisme hasil rekayasa genetika (GMO), termasuk mikroba, terhadap kesehatan manusia, hewan, dan lingkungan. Proses persetujuan pelepasan mikroba hasil rekayasa genetika ke lingkungan melibatkan evaluasi yang cermat terhadap potensi dampak jangka panjang, serta memerlukan informasi yang memadai dari pemohon terkait karakterisasi mikroba, dampak lingkungan, dan rencana pemantauan pasca-pelepasan. Prinsip kehati-hatian juga menjadi dasar dalam pengambilan keputusan, memastikan langkah-langkah pencegahan diambil berdasarkan bukti ilmiah yang ada [32]. Dalam prosesnya, aplikasi mikroba transgenik juga harus dipantau dengan ketat untuk memastikan manfaatnya dan tidak mengganggu keseimbangan ekosistem [34].

3.4 Menganalisis sistem pengendalian mikroba GEO pasca-Bioremediasi.

Bioremediasi menggunakan *Genetically Engineered Organisms* (GEO) memiliki potensi untuk menimbulkan dampak negatif pada kesehatan manusia dan lingkungan. Efek berbahaya yang dapat dihasilkan dari GEO dipengaruhi oleh karakteristrik GEO dan lingkungan tempat tumbuh [12]. Aktivitas dan pertumbuhan mikroba dipengaruhi pH, suhu, kelembapan, kelarutan dalam air, nutrisi, struktur tanah, potensi redoks, kandungan oksigen dan karakteristik tempat tumbuh [34]. Mikroba rekayasa genetic (RG) dapat menyebabkan terganggunya kerangka ekologi yang ada pada lingkungan apabila mikroba GEO tetap bertahan hingga polutan pada lingkungan telah berhasil didegradasi. Kemampuan transfer gen horizontal dan kemampuan bertahan hidup mikroba RG dapat menjadi masalah yang menyebabkan terganggunya ekosistem pada lingkungan [12].

Salah satu kekhawatiran bioremediasi menggunakan GEO ialah setalah selesainya proses degradasi, apa yang akan terjadi pada bakteri GEO dilingkungan. Populasi bakteri GEO dalam lingkungan dapat ditekan menggunakan pengomposan, dilakukannya pengomposan dengan meningkatkan suhu hingga 80-90^{0}C, dan penurunan PH dikarenakan adanya produksi asam organic dan metabolit beracun sehingga dapat menurunkan populasi bakteri GEO setelah selesai proses degradasi polutan. Penekanan populasi bakteri menggunakan GEO menggunakan pengomposan memiliki kelemahan karena bakteri GEO yang mati dapat melepaskan DNA nya ke lingkungan. Untuk memecahkan permasalahn tersebut dapat menggunakan sistem bunuh diri. Sistem tersebut dirancang dengan cara memasukan gen pengkode protein yang dapat mematikan pada organisme inang. Sistem tersebut dapat terjadi Ketika polutan pada lingkungan tidak ada, kemudian gen tersebut akan diekspresikan dan menyebabkan kerusakan pada membrane sel sehingga dapat menyebabkan kematian pada sel [12].

4. KESIMPULAN

Mikroba GEO memiliki potensi untuk mendegradasi polutan lingkungan dan lebih unggul dibandingkan mikroba alami. Keuntungan mikroba GEO dalam mendegradasi polutan lingkungan seperti spesifitas, efisisensi tinggi, dan ramah lingkungan. Mikroba GEO terbukti efektif dalam mendegradasi polutan; *E.coli* strain JM109 mampu mendegradasi merkuri (Hg) sebesear 22,7-52,2%, *Anabaena sp*. PCC 7120 mampu mendegradasi lindane sebesar 98%, *Pseudomonas fluoresence* HK44 mampu mendegradasi Napthalene sebesar 61,09%, *Pseudomonas putida* KT2442 mampu mendegradasi Octane, camphor, xylene, dan naphthalene dan *Deinococcus radiodurans* mampu mendegradasi Radionuklida uranium, Cr, toluene sebesar 90%. Mikroba GEO yang dilepaskan ke lingkungan untuk mendegradasi polutan beresiko dapat mengganggu keseimbangan ekosistem lingkungan. Populasi bakteri GEO dalam lingkungan dapat ditekan menggunakan pengomposan dan menurunkan populasi bakteri GEO.

5. DAFTAR REFERENSI

[1] M. Rofik and A. Mokhtar, “Pencemaran dalam lingkungan hidup,” Jurnal Profesi Insinyur Indonesia UMM, vol. 1, no. 1, 2021.

[2] Kuppan, N., Padman, M., Mahadeva, M., Srinivasan, S., & Devarajan, R, “A comprehensive review of sustainable bioremediation techniques: Eco friendly solutions for waste and pollution management”, Waste Management Bulletin, vol. 2, pp. 154-171, 2024. doi: 10.1016/j.wmb.2024.07.005

[3] S. S. Somayaji, S. Balasubramaniam and R. Raval, "Synthetic biology techniques to tackle heavy metal pollution and poisoning," Synthetic and Systems Biotechnology, vol. 7, no. 3, pp. 841-846, 2022. doi: 10.1016/j.synbio.2022.04.007

[4] X. Zhu, A. D. Venosa, M. T. Suidan and K. Lee, "Guidelines For The Bioremediation Of Marine

Shorelines and Freshwater Wetlands," 2001.
[5] F. Romeyer, F. Jacobs, L. Masson, Z. Hanna and R. Brousseau, "Bioaccumulation of heavy metals in Escherichia coli expressing an inducible synthetic human metallothionein gene," Journal of biotechnology, vol. 8, no. 3, pp. 2017-220, 1988. doi : 10.1016/0168-1656(88)90003-X
[6] H. Rafeeq, N. Afsheen, S. Rafique, A. Arshad, M. Intisar, A. Hussain, M. Bilal and H. M. Iqbal, "Genetically engineered microorganisms for environmental remediation," Chemospere, pp. 1-14, 2023. doi : 10.1016/j.chemosphere.2022.136751
[7] S. Khade and S. Srivastava, "Genetically Modified Microbes for Bioremediation of Oil Spills in Marine Environment," pp. 275-292, 2020.
[8] S. Kulshreshtha, "Genetically Engineered Microorganisms: A Problem Solving Approach For Bioremediation," Journal Of Bioremediation & Biodegradation, vol. 4, no. 4, 2013. doi : : 10.4172/2155-6199.1000e133
[9] Han, P., Teo, W. Z., & Yew, W. S, "Biologically engineered microbes for bioremediation of electronic waste: Wayposts, challenges and future directions, " Engineering biology, vol. 6, no. 1, pp. 23-34, 2022. doi : 10.1049/enb2.12020
[10] G. S. Sayler and s. Ripp, "Field applications of genetically engineered microorganisms for bioremediation processes," Current Opinion in Biotechnology, vol. 11, no. 3, pp. 286-289, 2000. doi : 10.1016/S0958-1669(00)00097-5
[11] F. N. S. K. Wanti Tandi Payung1), "Identifikasi secara Biomolekuler dan Uji Daya Bakteri Resisten Merkuri yang Diisolasi dari Air di Wilayah Bekas Tambang Emas Rakyat Desa Tayonan Utara," Jurnal Ilmiah Farmasi, vol. 7, no. 2, pp. 28-40, 2018. Doi : 10.35799/pha.7.2018.19506
[12] M. A. K. Azad, L. Amin and N. M. Sidik, "Genetically Engineered Organisms for Bioremediation of Pollutants," Chinese Science Bulletin, vol. 59, no. 8, pp. 704-714, 2014.
[13] Z. Q. L. J. S. Y. G. K. X. J. X. F. H. S. Li S, "Application Progress of Deinococcus radiodurans in Biological Treatment of Radioactive Uranium-Containing Wastewater.," Indian J Microbiol, vol. 61, no. 4, pp. 417-426, 2021.
[14] D. Appukuttan, A. S. Rao and S. K. Apte, "Engineering of Deinococcus radiodurans R1 for Bioprecipitation of Uranium from Dilute Nuclear Waste," Applied and Environmental Microbiology, vol. 72, no. 12, p. 7873–7878, 2006. doi : 10.1128/AEM.01362-06
[15] Bhandari, S., Poudel, D. K., Marahatha, R., Dawadi, S., Khadayat, K., Phuyal, S., & Parajuli, N, "Microbial enzymes used in bioremediation," Journal of Chemistry, vol. 1, 2021, 8849512. doi : 10.1155/2021/8849512
[16] M. Kapoor and R. Rajagopal, "., Enzymatic bioremediation of organophosphorus insecticides by recombinant organophosphorous hydrolase," International Biodeterioration & Biodegradation, vol. 65, no. 6, pp. 896-901, 2011. doi : 10.1016/j.ibiod.2010.12.017
[17] X. Ma, L. Liu, Q. Li, Y. Liu and L. M. L. &. Z. C. Yi, "). High-level expression of a bacterial laccase, CueO from Escherichia coli K12 in Pichia pastoris GS115 and its application on the decolorization of synthetic dyes," Enzyme and microbial technology, vol. 103, pp. 34-41, 2017. doi : 10.1016/j.enzmictec.2017.04.004
[18] Z. Guan, N. Zhang, C. Song, W. Zhou, L. Zhou and H. &. L. X. Zhao, "Molecular cloning, characterization, and dye-decolorizing ability of a temperature-and pH-stable laccase from Bacillus subtilis X1," Applied biochemistry and biotechnology, vol. 172, pp. 1147-1157, 2014.
[19] D. Lamb, D. Kelly, S. Masaphy and G. &. K. S. Jones, "Engineering of heterologous cytochrome P450 in Acinetobacter sp.: application for pollutant degradation," Biochemical and biophysical research communications, vol. 276, no. 2, pp. 797-802, 2000. doi : 10.1006/bbrc.2000.3541
[20] T. Sutherland, R. Russel and M. & Selleck, "Using enzymes to clean up pesticide residues," Peticide Outlook., vol. 13, no. 4, pp. 149-151, 2002
[21] Su, F. H., Tabanag. I. D. F., Wu, C. Y., & Tsai, S. L, "Decorating outer membrane vesicles with organophosphorus hydrolase and cellulose binding domai for organophosphate pesticide degradation," Chemical Engineering Journal, vol. 308, pp. 1-7, 2017. doi : 10.1016/j.cej.2016.09.045
[22] S. Sondhi, P. Sharma, N. George, P. Chauhan and N. &. G. N. Puri, "An extracellular thermo-alkali-stable laccase from Bacillus tequilensis SN4, with a potential to biobleach softwood pulp.," 3 Biotech, vol. 5, pp. 175-151, 2015.
[23] P. Anzher and E. Anzenbacherova, " Cytochromes P450 and metabolism of xenobiotics," Cellular and Molecular Life Sciences, vol. 58, no. 5, pp. 737-747, 2001.
[24] D. Lamb, D. Kelly, S. Masaphy and G. &. K. S. Jones, "Engineering of heterologous cytochrome P450 in Acinetobacter sp.: application for pollutant degradation," Biochemical

and biophysical research communications, vol. 276, no. 2, pp. 796-802, 2000.
[25] G. F. P, "Mechanisms of cytochrome P450-catalyzed oxidations," ACS Catalysis, vol. 8, no. 12, pp. 10964-10976, 2018. doi : 10.1021/acscatal.8b03401
[26] Nagata, T., Muraoka, T., Kiyonoa, M., & Pan-Hou, H, "Development of a luminescence-based biosensor for detection of methylmercury,"The Journal of Toxicological Sciences, vol. 35, no. 2, pp. 231-234, 2010. DOI: 10.2131/jts.35.231
[27] Kim, Y., Choi, H., Shin, W. H., Oh, J. M., Koo, S. M., Kim, Y. & Park, C, "Development of colorimetric whole-cell biosensor for detection of heavy metals in the environment for public health. International Journal of Environmental Research and Public Health, vol. 18, no. 23, 2021. doi : 10.3390/ijerph182312721
[28] U. Aminah and F. Nur, "Biosorpsi Logam Berat Timbal (Pb) oleh Bakteri," Jurnal Teknosains, vol. 12, no. 1, pp. 50-70, 2018. doi : 10.24252/teknosains.v12i1.7868
[29] F. G. I. d. H. A. Dien, "Karakteristik Bakteri Pereduksi Merkuri (Escherichia coli) Diisolasi dari Perairan Teluk Manado," Jurnal Perikanan dan Kelautan Tropis, vol. 7, no. 3, pp. 103-108, 2011. doi : 10.35800/jpkt.7.3.2011.186
[30] A. K. Chaurasia, T. K. Adhya and S. K. Apte, "Engineering bacteria for bioremediation of persistent organochlorine pesticide lindane (γ-hexachlorocyclohexane)," Bioresource Technology, vol. 149, no. 23, pp. 439-455, 2013. doi : 10.1016/j.biortech.2013.09.084
[31] I. D. Prijambada and S. Rohman, "Naphtalene Biodegradation By Pseudomonas," in Thesis, Universitas Gadjah Mada : Yogyakarta, 2013.
[32] EFSA Scientific Committee et al., "Evaluation of existing guidelines for their adequacy for the microbial characterisation and environmental risk assessment of microorganisms obtained through synthetic biology," EFSA Journal, vol. 18, no. 10, p. e06263, 2020. doi: 10.2903/j.efsa.2020.6263.
[33] K. E. French, Z. Zhou and N. Terry, "Horizontal 'gene drives' Harness Indigenous Bacteria for Bioremediation," Scientific Reports, vol. 10, no. 1509, pp. 1-11, 2020.
[34] E. Abatenh, B. Gizaw, Z. Tsegaye and M. Wassie, "The Role of Microorganisms in Bioremediation- A Review," Environmental Biology, vol. 2, no. 1, pp. 38-46, 2017.