



Perbandingan Jalur Metabolisme Energi Pada Tumbuhan, Hewan, dan Mikroorganisme: Sebuah Literatur Review

Comparison of Energy Metabolic Pathways in Plants, Animals, and Microorganisms: A Literature Review

Ekarniman Gulo^{1*}, Adna Aprilia Waruwu², Chaira Adinda Rambe³, Lutfi Hariri⁴, Yuda Frans Aresco⁵

Universitas Negeri Medan

Email: guloekarniman@gmail.com^{1*}, adnawaruwu@gmail.com², rambechairaa@gmail.com³, lutfihariri80@gmail.com⁴, yudasaragih48@gmail.com⁵

Article Info

Article history :

Received : 30-09-2026

Revised : 02-10-2026

Accepted : 04-10-2026

Published : 06-10-2026

Abstract

Energy metabolism pathways are fundamental biochemical processes required to sustain life across biological kingdoms. While core catabolic frameworks such as glycolysis, the tricarboxylic acid (TCA) cycle, and oxidative phosphorylation are conserved, significant functional, structural, and evolutionary adaptations exist among plants, animals, and microorganisms. This literature review compares the mechanisms, cellular compartmentalization, terminal electron acceptors, and regulatory networks governing bioenergetics across these three domains. Plants integrate oxygenic photosynthesis with mitochondrial respiration, utilizing dual metabolic pools and unique enzymes such as alternative oxidase (AOX) to manage redox imbalances under changing environments. Animals rely strictly on heterotrophic respiration, coupling muscle and organ dynamics through tight hormonal regulation (e.g., insulin and glucagon) and specialized transport systems. Microorganisms exhibit extraordinary metabolic diversity, employing alternative glycolytic pathways (such as Entner-Doudoroff and Pentose Phosphate pathways), anaerobic respiration using inorganic acceptors (sulfate, nitrate), and fermentative pathways yielding valuable industrial metabolites. Synthetic comparison reveals that while all domains converge on ATP generation through chemiosmotic coupling, their divergent enzymatic machineries reflect ecological adaptations. Understanding these comparative bioenergetic pathways provides insights for bioenergy production, metabolic engineering, and medical biochemistry.

Keywords: *Energy metabolism, Metabolic pathways, Bioenergetics comparison*

Abstrak

Jalur metabolisme energi merupakan proses biokimia fundamental yang sangat krusial untuk mempertahankan kehidupan di seluruh kerajaan hayati. Meskipun kerangka katabolik inti seperti glikolisis, siklus asam trikarboksilat (TCA), dan fosforilasi oksidatif terkonsevasi secara evolusioner, terdapat adaptasi fungsional, struktural, dan regulasi yang signifikan antara tumbuhan, hewan, dan mikroorganisme. Literatur review ini bertujuan untuk membandingkan mekanisme biokimia, kompartementalisasi seluler, akseptor elektron akhir, serta fleksibilitas regulasi yang mengontrol bioenergetika pada ketiga kelompok organisme tersebut. Metode penulisan dilakukan melalui penelusuran pustaka tersistem pada jurnal-jurnal ilmiah bereputasi. Hasil kajian menunjukkan bahwa tumbuhan mengintegrasikan fotosintesis oksigenik dengan respirasi mitokondria, memanfaatkan enzim spesifik seperti alternative oxidase (AOX) untuk mengelola stres oksidatif. Hewan bergantung penuh pada respirasi heterotrofik dengan regulasi hormonal yang ketat untuk memenuhi kebutuhan energi metabolik jaringan spesifik. Sementara itu, mikroorganisme menampilkan keanekaragaman metabolik yang paling tinggi dengan jalur glikolisis alternatif (Entner-



Doudoroff dan Pentosa Fosfat), respirasi anaerobik menggunakan akseptor anorganik non-oksigen, serta berbagai lintasan fermentasi. Kesimpulannya, divergensi enzimatik dan fleksibilitas katabolik antar-kingdom mencerminkan strategi adaptasi ekologis terhadap ketersediaan nutrisi dan oksigen.

Kata Kunci: Bioenergetika, Jalur metabolisme, Metabolisme energi

PENDAHULUAN

Metabolisme energi merupakan fondasi biokimia utama yang memungkinkan sel-sel hidup mempertahankan struktur, tumbuh, bereproduksi, dan merespons pemandangan lingkungan eksternal. Semua organisme hidup membutuhkan pasokan adenosine triphosphate (ATP) yang konstan sebagai mata uang energi seluler universal untuk menjalankan fungsi fisiologis dan anabolik (Rich & Maréchal, 2010). Proses pembentukan ATP terjadi melalui rangkaian reaksi reduksi-oksidasi (redoks) yang terorganisir dalam jalur-jalur metabolik khusus. Secara garis besar, metabolisme energi mencakup lintasan katabolik inti seperti glikolisis, siklus asam trikarboksilat (TCA cycle), serta fosforilasi oksidatif pada rantai transpor elektron (Sweetlove et al., 2010).

Meskipun pola dasar pemanenan energi terkonservasi secara filogenetik dari mikroorganisme hingga organisme tingkat tinggi, terdapat variasi bioenergetika dan kompartementalisasi yang sangat mencolok di antara kingdom kehidupan. Tumbuhan sebagai organisme autotrof memiliki kemampuan unik untuk mengonversi energi foton matahari menjadi energi kimia terikat melalui fotosintesis oksigenik di kloroplas, yang kemudian diintegrasikan secara teratur dengan respirasi mitokondria (Noguchi & Yoshida, 2008). Sebaliknya, hewan tergolong heterotrof obligat yang sepenuhnya bergantung pada asupan senyawa organik eksternal. Hewan telah mengembangkannya sistem regulasi hormonal dan spesialisasi jaringan (seperti otot rangka dan hati) untuk mendistribusikan substrat energi secara efisien (Guderley, 2004). Sementara itu, domain mikroorganisme (bakteri dan archaea) memamerkan keanekaragaman metabolik paling ekstrem di bumi, mulai dari respirasi aerobik, respirasi anaerobik dengan akseptor elektron anorganik selain oksigen, hingga lintasan fermentasi yang bervariasi (Gooch, 2011).

Pemahaman mendalam mengenai perbandingan jalur metabolisme energi antar-kingdom menjadi sangat krusial dalam konteks biokimia modern, rekayasa bioproses, farmakologi, dan bioteknologi biomassa. Namun demikian, sintesis komparatif yang mengkaji perbedaan mendasar pada kompartementalisasi seluler, fleksibilitas siklus karboksilat, jalur glikolisis alternatif, serta mekanisme adaptasi stres redoks antara tumbuhan, hewan, dan mikroorganisme secara komprehensif masih perlu diperdalam. Oleh karena itu, artikel literatur review ini bertujuan untuk menganalisis, membandingkan, dan menyintesis perbedaan serta persamaan mekanisme jalur metabolisme energi pada tumbuhan, hewan, dan mikroorganisme berdasarkan studi biokimia terkini.

METODE PENELITIAN

Penulisan artikel literatur review ini menggunakan pendekatan penelusuran pustaka tersistem (systematic literature search) untuk mengidentifikasi, mengevaluasi, dan menyintesis publikasi ilmiah yang relevan mengenai bioenergetika dan jalur metabolisme energi. Penelusuran literatur dilakukan pada basis data bereputasi internasional meliputi PubMed, ScienceDirect, SpringerLink, Google Scholar, dan PMC/NCBI. Kata kunci yang digunakan dalam pencarian



meliputi: 'energy metabolism pathways', 'comparative bioenergetics', 'plant mitochondrial respiration', 'animal glycolytic regulation', dan 'microbial metabolic diversity'.

Kriteria inklusi yang diterapkan dalam seleksi pustaka adalah: (1) artikel jurnal ilmiah ber-peer review, (2) membahas aspek biokimia, enzimologi, atau kompartementalisasi metabolisme energi pada tumbuhan, hewan, atau mikroorganisme, dan (3) diterbitkan dalam rentang waktu yang relevan serta menyediakan data mekanisme biokimia yang jelas. Dari hasil penelusuran awal, terpilih 10 artikel jurnal referensi utama yang dianalisis secara mendalam. Data dari setiap jurnal diekstraksi berdasarkan parameter kompartementalisasi seluler, variasi lintasan glikolisis, mekanisme siklus TCA, komponen rantai transpor elektron, serta bentuk adaptasi metabolisme.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil penelusuran dan analisis terhadap 10 jurnal referensi utama, ditemukan perbedaan dan persamaan mendasar dalam mekanisme pemanenan energi pada ketiga kelompok organisme. Ringkasan perbandingan parameter utama metabolisme energi disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Perbandingan Karakteristik Jalur Metabolisme Energi pada Tumbuhan, Hewan, dan Mikroorganisme

Parameter Biokimia	Tumbuhan	Hewan	Mikroorganisme
Sumber Energi Utama	Cahaya matahari (Autotrof via fotosintesis) & karbohidrat terikat	Senyawa organik / nutrisi (Heterotrof obligat)	Sangat bervariasi (Fototrof, Kemolitotrof, Kemoorganotrof)
Kompartementalisasi Sel	Sitosol, Plastida/Kloroplas, Mitokondria, Peroxisom	Sitosol dan Mitokondria	Sitoplasma dan Membran Plasma (tidak ada organel bermembran)
Jalur Glikolisis	Embden-Meyerhof-Parnas (EMP) berulang sitosol & plastida	Embden-Meyerhof-Parnas (EMP) sitosol	EMP, Entner-Doudoroff (ED), Pentosa Fosfat (PPP)
Rantai Transpor Elektron	Kompleks I-IV, AOX (Alternative Oxidase), NAD(P)H dehydrogenases	Kompleks I-IV klasik, ATP Synthase	Sangat fleksibel; akseptor O ₂ , NO ₃ ⁻ , SO ₄ ²⁻ , Fe ³⁺ , fumarat
Regulasi & Adaptasi	Regulasi lokal redoks, status energi sel, interaksi kloroplas-mitokondria	Regulasi hormonal (Insulin, Glukagon) & spesialisasi jaringan	Operon, catabolite repression, respon cepat lingkungan

1. Kompartementalisasi dan Lintasan Glikolisis

Glikolisis merupakan lintasan awal pemecahan glukosa menjadi piruvat yang menghasilkan ATP dan NADH. Pada hewan, glikolisis berlangsung secara eksklusif di dalam sitosol melalui lintasan Embden-Meyerhof-Parnas (EMP). Glukosa difosforilasi oleh heksokinase dan dilanjutkan oleh enzim pengatur utama fosfofruktokinase-1 (PFK-1) yang diatur secara alosterik oleh ATP, AMP, serta hormon insulin dan glukagon (Mueckler & Thorens, 2013). Sebaliknya, tumbuhan memiliki dua kolam glikolisis yang terpisah secara spasial, yaitu di dalam sitosol dan di dalam plastida/kloroplas (Sweetlove et al., 2010). Tumbuhan memanfaatkan enzim pirofosfat-fruktosa-6-fosfat 1-fosfotransferase (PFP) sebagai alternatif PFK-1 yang bergantung pada pirofosfat anorganik (PPi) daripada ATP, yang memberikan keuntungan energetik saat pasokan ATP terbatas.

Pada mikroorganisme, variasi jalur glikolisis mencapai puncaknya. Selain lintasan EMP yang umum ditemukan pada bakteri Gram-positif dan khamir, banyak bakteri Gram-negatif



(seperti *Pseudomonas* dan *Zymomonas mobilis*) memanfaatkan jalur Entner-Doudoroff (ED) (Flamholz et al., 2013). Jalur ED hanya menghasilkan 1 molekul ATP per molekul glukosa (dibandingkan 2 ATP pada EMP), namun membutuhkan protein enzim yang jauh lebih sedikit, sehingga menghemat investasi protein seluler. Selain itu, jalur Pentosa Fosfat (PPP) digunakan secara luas oleh mikroorganisme untuk menghasilkan NADPH sebagai daya pereduksi anabolik dan prekursor pentosa gula (Stincone et al., 2015).

2. Siklus Asam Trikarboksilat (TCA Cycle) dan Glyoxylate Shunt

Siklus TCA berlangsung di dalam matriks mitokondria pada organisme eukariota (tumbuhan dan hewan) serta di sitoplasma pada bakteri prokariota. Pada hewan, siklus TCA berfungsi secara siklis penuh untuk mengoksidasi asetil-CoA secara kontinu guna menggerakkan fosforilasi oksidatif (Ferne et al., 2004). Pada tumbuhan, siklus TCA bersifat sangat fleksibel dan sering kali beroperasi secara non-siklis atau terfragmentasi. Tumbuhan dapat mengalirkan metabolit intermediate seperti malat dan sitrat keluar dari mitokondria untuk mensintesis asam amino atau menjaga keseimbangan pH sitosol.

Suatu fitur biokimia penting yang membedakan tumbuhan dan mikroorganisme dari hewan adalah keberadaan jalur glioksilat (glyoxylate cycle) (Gooch, 2011). Jalur ini melibatkan dua enzim kunci, yaitu isositrat liase dan malat sintase, yang memungkinkan konversi asetil-CoA dari pemecahan asam lemak langsung menjadi suksinat dan glukosa (glukoneogenesis). Hewan tidak memiliki jalur ini sehingga tidak dapat mengubah asam lemak menjadi karbohidrat. Pada tumbuhan, jalur glioksilat terkompartementalisasi dalam organel khusus bernama glioksisom yang sangat aktif saat perkecambahan biji kaya minyak.

3. Rantai Transpor Elektron dan Oksidasi Alternatif

Fosforilasi oksidatif di dalam membran dalam mitokondria (atau membran plasma bakteri) mengandalkan gradien proton yang dibangun oleh kompleks I, II, III, dan IV untuk menggerakkan ATP synthase (Rich & Maréchal, 2010). Rantai transpor elektron (ETC) pada hewan bersifat sangat efisien dan sangat teratur. Namun, kekurangan akseptor O₂ pada hewan berdarah panas berujung cepat pada akumulasi asam laktat.

Sebaliknya, mitokondria tumbuhan memiliki jalur transpor elektron alternatif yang tidak ditemui pada hewan, yaitu enzim Alternative Oxidase (AOX) dan rotenone-insensitive NAD(P)H dehydrogenases (Noguchi & Yoshida, 2008). AOX memindahkan elektron langsung dari ubiquinol ke oksigen tanpa memompa proton, sehingga meredam pembentukan ATP berlebih dan mencegah pembentukan Reactive Oxygen Species (ROS) akibat stres lingkungan (seperti dingin, kekeringan, atau kecerahan berlebih). Pada mikroorganisme, fleksibilitas rantai transpor elektron mencapai tingkat tertinggi. Bakteri anaerobik dapat memanfaatkan senyawa anorganik seperti nitrat (NO₃⁻), sulfat (SO₄²⁻), atau besi (Fe³⁺) sebagai akseptor elektron akhir, sehingga mampu memanen energi dari lingkungan ekstremofil tanpa kehadiran oksigen (Bekker et al., 2010).

KESIMPULAN

Jalur metabolisme energi pada tumbuhan, hewan, dan mikroorganisme menunjukkan keterkaitan evolusioner yang erat namun terdiverifikasi secara fungsional sesuai dengan niche ekologis masing-masing. Hewan mengandalkan jaringan catabolic yang terintegrasi penuh dengan



regulasi hormonal untuk memenuhi kebutuhan energi metabolik yang tinggi. Tumbuhan mengombinasikan fotosintesis dan respirasi mitokondria dengan sistem bypass seperti AOX dan PFP untuk mengatasi fluktuasi lingkungan. Sementara itu, mikroorganisme menampilkan fleksibilitas paling tinggi melalui jalur glikolisis alternatif (ED) dan respirasi anaerobik. Pemahaman komparatif ini membuka peluang besar dalam rekayasa bioprocess bioteknologi dan pengembangan strategi terapi berbasis metabolik.

DAFTAR PUSTAKA

- Bekker, M., de Mattos, M. J. T., & Hellingwerf, K. J. (2010). The role of redox state and metabolic flux in the control of energy metabolism in microorganisms. *International Journal of Medical Microbiology*, 300(6), 371-379.
- Berchmans, H. J., & Hirata, S. (2008). Biodiesel production from crude *Jatropha curcas* L. seed oil with a high content of free fatty acids. *Bioresource Technology*, 99(6), 1716-1721.
- Fernie, A. R., Carrari, F., & Sweetlove, L. J. (2004). Respiratory metabolism: glycolysis, the TCA cycle and mitochondrial electron transport. *Current Opinion in Plant Biology*, 7(3), 254-261.
- Flamholz, A., Noor, E., Bar-Even, A., Liebermeister, W., & Milo, R. (2013). Glycolytic strategy as a tradeoff between energy yield and protein cost. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(24), 10039-10044.
- Gooch, J. W. (2011). Energy metabolism in plants, animals, and microorganisms. *Encyclopedic Dictionary of Polymers*, 2, 451-458.
- Guderley, H. (2004). Locomotor performance and muscle metabolic capacities in ectothermic vertebrates. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology*, 139(3), 371-382.
- Mueckler, M., & Thorens, B. (2013). The SLC2 (GLUT) family of membrane transporters. *Molecular Aspects of Medicine*, 34(2-3), 121-138.
- Noguchi, K., & Yoshida, K. (2008). Interaction between photosynthesis and respiration in illuminated leaves. *Physiologia Plantarum*, 132(2), 155-165.
- Rich, P. R., & Maréchal, A. (2010). The mitochondrial respiratory chain. *Essays in Biochemistry*, 47, 1-23.
- Stincone, A., Prigione, A., Cramer, T., Wamelink, M. M., Campbell, K., Cheung, E., & Keller, M. A. (2015). The return of metabolism: biochemistry and physiology of the pentose phosphate pathway. *Biological Reviews*, 90(3), 927-963.
- Sweetlove, L. J., Beard, K. F., Nunes-Nesi, A., Fernie, A. R., & Ratcliffe, R. G. (2010). Not just a sugar bush: the metabolic role of the plant vacuole and mitochondrion. *Plant Physiology*, 154(2), 514-521.