

# BAB I PENDAHULUAN

## A. Latar Belakang

Tanaman cabai merupakan tanaman hortikultura yang sangat diminati masyarakat Indonesia, khususnya di Sumatera Barat. Dilaporkan pada beberapa wilayah di Sumatera Barat terjadi penurunan produksi cabai yang disebabkan oleh penyakit kuning keriting atau *Pepper Yellow Leaf Curl Disease* (PepYLCD). Penyakit ini disebabkan oleh serangan *Geminivirus* yang dibawa oleh kutu kebul (*whiteflies*) (De Barro, *et al.*, 2008). Hasil penelitian Gutierrez (2002) melaporkan bahwa *Geminivirus* juga menyebabkan penyakit pada tanaman hortikultura lainnya. Beberapa tanaman yang diketahui terserang *Geminivirus* di Indonesia yaitu kentang (Gunaeni *et al.*, 2008), tomat (Basak, 2016), tembakau (Noris *et al.*, 1996) dan cabai (Jamsari, I. Suliansyah, dan I. Manti, 2009; Duriat, 2009)

Umumnya upaya pengendalian penyakit kuning keriting dilakukan dengan cara konvensional, seperti menggunakan pestisida untuk membasmi kutu kebul yang membawa *Geminivirus*, namun cara ini kurang efektif dan memiliki efek samping yang buruk untuk kesehatan manusia (Gunaeni *et al.*, 2008). Selain dengan cara konvensional, pengendalian dapat dilakukan secara molekuler, yaitu dengan memanfaatkan salah satu protein virus untuk memperlambat proses replikasi, cara ini disebut dengan *Pathogen Derived Resistance* (PDR) (Shepherd *et al.*, 2005). Metode PDR dinilai masih belum mampu memberikan hasil yang optimal. Sebagai alternatifnya maka digunakan strategi lain, yaitu pemanfaatan gen-gen yang berperan dalam sistem ketahanan pada tanaman untuk memperkuat perlawanan terhadap infeksi oleh virus. Dalam strategi ini, dibutuhkan informasi struktur genom yang komprehensif pada gen yang dianggap terlibat langsung pada sistem ketahanan tanaman (Czosnek *et al.*, 2013; Louis dan Rey, 2015; Lozano-Durán *et al.*, 2011).

Penelitian yang dilakukan oleh Góngora-Castillo *et al.* (2012), menemukan gen-gen yang mengalami perubahan regulasi ekspresi pada saat infeksi yaitu GST1 (*Glutathione S-Transferase*), PR (*Pathogenesis Related*), OPR1 (*12-oxophytodienoate reductase 1*). Dari seluruh gen tersebut, gen-gen PR

mengalami peningkatan ekspresi yang lebih tinggi yaitu 16-17 kali lipat pada awal proses infeksi berlangsung. Gen-gen PR telah banyak dipelajari dan diketahui sebagai gen yang terlibat langsung dalam sistem ketahanan tanaman (Mukhtar *et al.*, 2009; Moreau *et al.*, 2012; Wu *et al.*, 2012). Salah satu informasi yang sangat menarik dari gen PR adalah ekspresinya yang hanya dapat diinduksi oleh protein *Non expressor Pathogenesis Related-1* (NPR1) (Liu *et al.*, 2005; Zhang *et al.*, 2006; Potlakayala *et al.*, 2007).

NPR1 adalah protein yang terlibat dalam sistem ketahanan tanaman, khususnya di dalam *Systemic Acquired Resistance* (SAR). NPR1 bersama dengan senyawa asam salisilat (AS) berfungsi dalam menginduksi ekspresi gen PR. (Zhang *et al.*, 2010). Di dalam protein NPR1 terdapat domain-domain yang berinteraksi dengan asam salisilat dan faktor transkripsi TGA2. Salah satu domain tersebut adalah BTB/POZ (*Broad-Complex, Tramtrack, and Bric-a-brac /POX virus and Zinc finger*), pada domain inilah terdapat dua asam amino penting yang berfungsi untuk menginduksi ekspresi gen PR (Johnson *et al.*, 2008; Loake dan Grant, 2007).

Bentuk dan mekanisme kerja dari domain BTB/POZ NPR1 telah dikaji di dalam tanaman *Arabidopsis*. Diketahui terdapat dua asam amino penting yaitu Cys<sup>82</sup> dan Cys<sup>150</sup> yang terlibat dalam proses aktivasi protein NPR1 (Boyle *et al.*, 2009). Mutasi yang dilakukan pada kedua asam amino tersebut menyebabkan protein NPR1 tidak dapat berinteraksi dengan faktor transkripsi TGA2, akibatnya gen PR tidak dapat berekspresi. Informasi ini penting untuk dikaji lebih lanjut karena dapat menentukan salah satu penyebab tanaman cabai tidak dapat mengatasi infeksi oleh *Geminivirus*.

Penelitian yang dilakukan oleh Nova *et al.*, (2017), berhasil mengkarakterisasi salah satu domain NPR1, yaitu *ankyrin*. Analisis secara *in silico* menunjukkan tingginya peluang interaksi antara domain *ankyrin* dengan protein Rep *Geminivirus*. Diprediksi, domain BTB/POZ juga memiliki peluang interaksi yang tinggi. Oleh sebab itu, penulis tertarik untuk melakukan kloning dan karakterisasi domain BTB/POZ NPR1 dari tanaman cabai varietas Berangkai.

## B. Tujuan penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mengisolasi dan mengkarakterisasi gen domain BTP/POZ NPR1 serta membandingkan struktur genomnya dengan tanaman *Arabidopsis thaliana*.

## C. Manfaat Penelitian

Informasi struktur domain BTB/POZ NPR1 pada tanaman cabai varietas Berangkai dapat dimanfaatkan dalam studi prediksi bentuk interaksi antara protein NPR1 dengan protein-protein *Geminivirus*.

