

BAB I PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Tanaman cabai merupakan produk hortikultura penting di Indonesia dengan tingkat permintaan yang tinggi, namun tanaman cabai berpotensi tinggi terserang penyakit dari mikroorganisme patogen, salah satunya adalah penyakit kuning yang disebabkan oleh *Geminivirus*.

Berbagai macam metode telah diteliti untuk memberikan solusi terkait penyakit kuning pada tanaman cabai, seperti menggunakan pestisida untuk mengontrol hama kutu kebul, namun penggunaan pestisida dinilai kurang aman untuk pertumbuhan tanaman cabai dan juga ketika dikonsumsi oleh manusia (Hintz *et al.*, 2015; Liu *et al.*, 2016). Metode insersi gen asing dari bakteri yang menghasilkan senyawa toksik untuk hama juga telah dilakukan, namun efek samping yang dihasilkan dari senyawa toksik tersebut belum diketahui pada tanaman dan juga ketika dikonsumsi oleh manusia (Tai *et al.*, 1999; Naranjo, 2011). Kemudian metode *Pathogen Derived Resistance*, dengan menggunakan gen virus untuk menghambat proses infeksi, namun hasil yang didapatkan belum efektif terutama dampaknya terhadap pertumbuhan tanaman cabai dan efek samping yang ditimbulkan ketika dikonsumsi oleh manusia (Khan *et al.*, 2014).

Adapun metode yang sedang berkembang saat ini adalah memahami interaksi yang terjadi ketika proses infeksi oleh *Geminivirus*. Ketika terjadi proses infeksi, gen-gen pada tanaman akan mengalami peningkatan atau penurunan tingkat ekspresi. Dari perubahan ekspresi tersebut diamati gen-gen apa saja yang terlibat dan hubungannya dengan sistem ketahanan tanaman, kemudian gen-gen tersebut dipelajari lebih lanjut agar didapat suatu gambaran bagaimana *Geminivirus* memanipulasi sistem ketahanan tanaman (Czosnek *et al.*, 2013).

Proses infeksi oleh *Geminivirus* pada tanaman cabai secara molekuler memperlihatkan terjadinya interaksi protein-protein *Geminivirus* dengan tanaman (Gaur *et al.*, 2014). Bentuk interaksi dapat terjadi oleh protein virus untuk menghambat kerja protein tanaman, ataupun sebaliknya oleh protein tanaman yang bertujuan untuk menghambat kerja protein virus (Liu *et al.*, 2014). Salah satu protein yang memiliki fungsi dalam sistem ketahanan tanaman tersebut dan

diprediksi berinteraksi dengan protein virus adalah NPR1 (*Non-expressor of Pathogenesis Related*) yang dihasilkan oleh gen NPR1 (Durrant dan Dong, 2004).

Pada *Arabidopsis thaliana*, gen NPR1 telah diteliti struktur genomik dan prediksi mekanisme kerjanya dalam sistem pertahanan selama proses infeksi oleh virus (Villanueva-Alonzo *et al.*, 2013; Zhong *et al.*, 2015). Dari hasil penelitian tersebut masih perlu dilakukan penelitian terhadap bagian domain-domain dari protein NPR1 untuk dapat menjelaskan interaksi yang mungkin terjadi antara protein virus dan tanaman, khususnya pada *Geminivirus* dan *C.annum*. Pemahaman mengenai interaksi protein *Geminivirus* dengan domain-domain pada protein NPR1 diprediksi mampu memberikan penjelasan mengapa NPR1 tidak dapat menghadang proses infeksi pada tanaman (Luna-Rivero *et al.*, 2016; Withers dan Dong, 2016).

Oleh karena itu, melihat perkembangan penelitian saat ini, maka peneliti melakukan isolasi, kloning, dan sekuensing gen NPR1 dari *C.annum* genotipe Cabai berangkai untuk menentukan struktur genomiknya, dilanjutkan dengan analisa secara *in silico* untuk memprediksi bentuk interaksi protein-protein selama proses infeksi oleh *Geminivirus*.

B. Rumusan Masalah

1. Apakah gen NPR1 yang diisolasi dari *C.annum* genotipe Cabai berangkai memiliki persamaan atau perbedaan dengan gen NPR1 dari tanaman lain ?.
2. Bagaimana bentuk interaksi antara protein *Geminivirus* dan NPR1 selama proses infeksi terjadi ?.

C. Tujuan Penelitian

Memperoleh informasi dan pemahaman yang lebih komprehensif terhadap struktur genomik gen NPR1 *C.annum* genotipe Cabai berangkai dan memprediksi bentuk interaksi antara protein *Geminivirus* dan NPR1 selama proses infeksi terjadi.