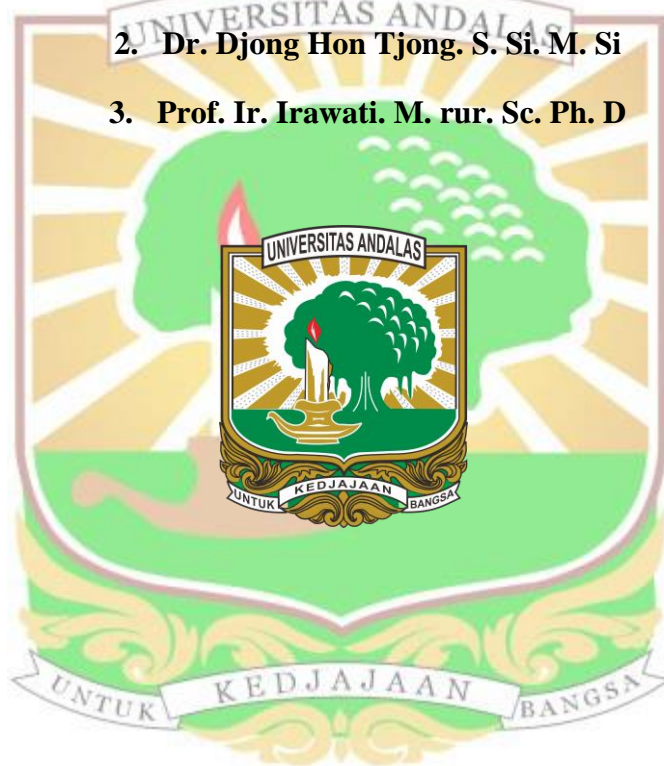


**STUDI JALUR PRODUKSI *INDOLE-3-ACETIC ACID* (IAA)  
PADA *Serratia plymuthica* UBCF\_13**

**LIZA AULIA YUSFI  
2031612006**

**Komisi Pembimbing :**

- 1. Prof. Dr. sc.agr. Ir. Jamsari. MP**
- 2. Dr. Djong Hon Tjong. S. Si. M. Si**
- 3. Prof. Ir. Irawati. M. rur. Sc. Ph. D**

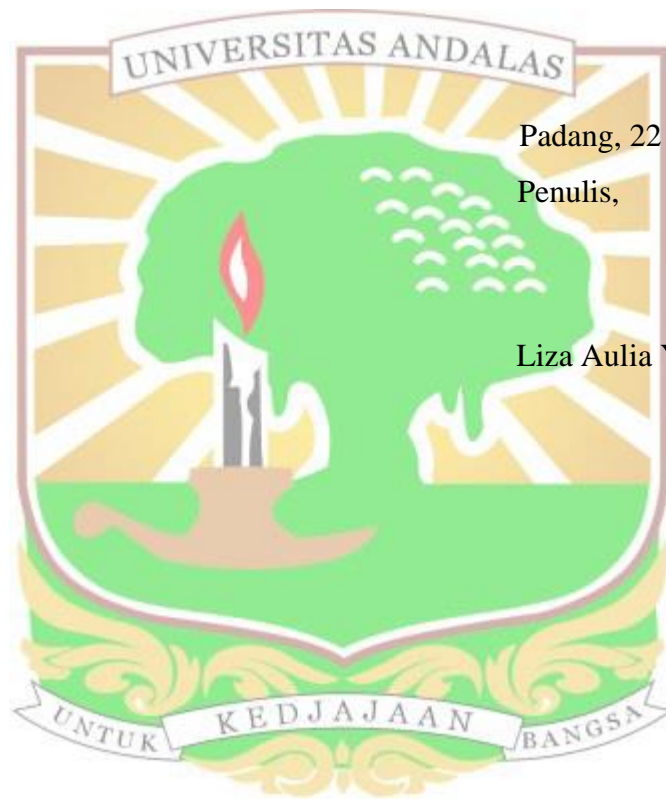


**Disertasi**

**PROGRAM STUDI S3 ILMU PERTANIAN  
FAKULTAS PERTANIAN  
UNIVERSITAS ANDALAS  
2025**

## PERNYATAAN

Dengan ini saya, nama: Liza Aulia Yusfi yang beralamat di Jl. A.R. Hakim Gg. Cempaka No. 164 Tualang, Kabupaten Siak, Riau (28772), menyatakan bahwa dalam disertasi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan oleh orang lain untuk memperoleh gelar akademik di suatu perguruan tinggi, dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis dicantumkan dalam naskah dan disebutkan dalam daftar kepustakaan.



Padang, 22 Januari 2025

Penulis,

Liza Aulia Yusfi

## RINGKASAN

Liza Aulia Yusfi. Studi Jalur Produksi *Indole-3-Acetic Acid* (IAA) pada *Serratia plymuthica* UBCF\_13. Dibimbing oleh Jamsari, Djong Hon Tjong, dan Irawati Chaniago.

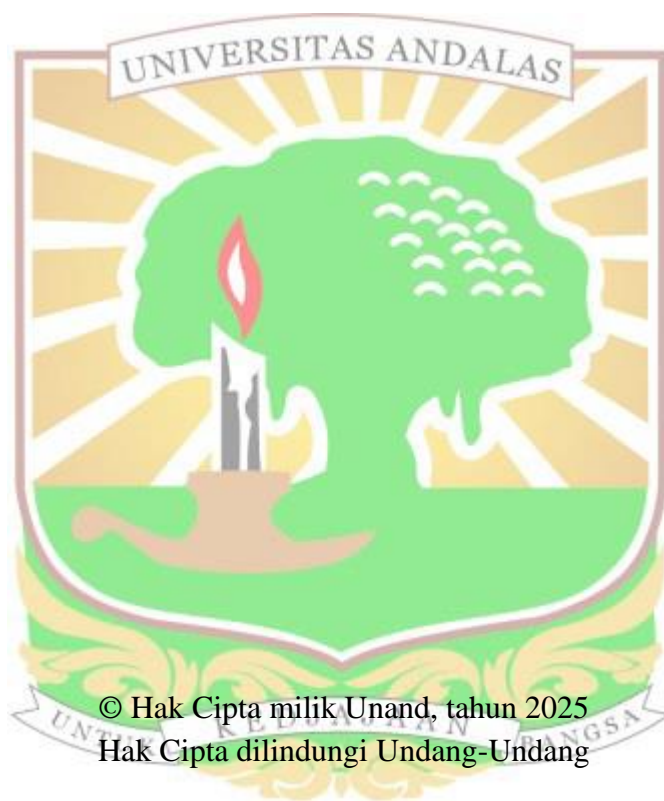
*Serratia plymuthica* UBCF\_13 merupakan salah satu strain bakteri pemicu tumbuh tanaman yang memiliki kemampuan penghasil *Indole-3-Acetic Acid* (IAA). Studi terkait regulasi jalur produksi IAA pada bakteri dapat dianalisis menggunakan berbagai metode diantaranya *next generation sequencing* (NGS), kloning gen, dan *knockout* gen. Akan tetapi, metode tersebut tidak dapat digunakan sekaligus untuk mengetahui kondisi optimal dalam produksi IAA. Oleh karena itu, penelitian ini menggabungkan proses optimasi produksi IAA dengan analisis transkriptomik dan metabolomik untuk memperoleh kondisi kultur terbaik dalam produksi IAA sekaligus mengetahui jalur sintesis IAA pada UBCF\_13. Penelitian dimulai dari bulan September 2021 hingga Maret 2023. Hasil analisis *genome mining* menunjukkan gen – gen terkait jalur biosintesis IAA pada genom UBCF\_13 terdiri dari gen *tyrB*, *ipdC*, *puuC*, *DDC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, dan *amiE* yang diduga terlibat dalam jalur IPyA, TAM, IAOx/IAN dan IAM. Selanjutnya ekspresi gen – gen tersebut dianalisis berdasarkan perlakuan durasi kultur. Selain itu, analisis HPLC juga digunakan untuk identifikasi dan kuantifikasi senyawa *indole* di dalam ekstrak perlakuan perbedaan durasi kultur. Hasil analisis ekspresi gen menunjukkan gen *puuC*, *nthA*, *nthB*, *DDC*, *amiE* dan *oxdA* mengalami upregulasi pada perlakuan durasi kultur 3 jam yang termasuk dalam fase *lag*. Selanjutnya metabolit IAM ditemukan di dalam ekstrak perlakuan perbedaan durasi kultur dengan konsentrasi tertinggi diperoleh pada durasi kultur 21 jam. Selanjutnya, ekspresi gen – gen terkait biosintesis IAA pada UBCF\_13 serta identifikasi dan kuantifikasi senyawa *indole* juga dianalisis berdasarkan optimasi komponen media produksi IAA (sumber karbon, nitrogen, dan mineral). Ekspresi gen *tyrB*, *ipdC*, *puuC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, dan *amiE* mengalami peningkatan ketika sukrosa digunakan sebagai sumber karbon. Level ekspresi gen *ipdC*, *puuC*, *oxdA*, *nthB* dan *amiE* juga meningkat pada perlakuan dengan sumber nitrogen *yeast extract*. Gen *tyrB*, *puuC*, *DDC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, dan *amiE* juga mengalami upregulasi pada medium kultur dengan penambahan magnesium sulfat dan kalsium karbonat. Ekstrak kultur dengan perlakuan optimasi media ini juga menghasilkan metabolit IAM dan IAA. Secara keseluruhan, peningkatan level ekspresi yang tinggi pada gen yang terkait dengan jalur IAM (*nthA*, *nthB*, dan *amiE*) dan temuan senyawa IAM pada ekstrak kultur perlakuan optimasi media mendukung hipotesis penggunaan jalur IAM untuk sintesis IAA oleh UBCF\_13. Selanjutnya dilakukan uji eliminasi masing – masing komponen mineral untuk mendapatkan komposisi media kultur optimal. Hasil pengujian tersebut menunjukkan kondisi dan komposisi media kultur optimal untuk produksi IAA oleh UBCF\_13 berdasarkan kombinasi dari proses optimasi terdiri dari sukrosa, *yeast extract*, magnesium sulfat dan kalsium karbonat dengan durasi kultur 21 jam.

## SUMMARY

Liza Aulia Yusfi. *Indole-3-Acetic Acid* (IAA) Producing Pathway Study on *Serratia plymuthica* UBCF\_13. Supervised by Jamsari, Djong Hon Tjong, dan Irawati Chaniago.

*Serratia plymuthica* UBCF\_13 is a plant growth-promoting bacterial strain that can synthesize *Indole-3-Acetic Acid* (IAA). Studies related to the regulation of the IAA production pathway in bacteria can be analyzed using various methods including next generation sequencing (NGS), gene cloning, and gene knockout. However, these methods cannot be used simultaneously to determine the optimal conditions for IAA production. Therefore, this study combined the IAA production optimization process with transcriptomic and metabolomic analysis to obtain the best culture conditions for IAA production as well as to determine the IAA synthesis pathway in UBCF\_13. The study was carried out from September 2021 to March 2023. The results of genome mining showed that the genes related to the IAA biosynthesis pathway in the UBCF\_13 genome consisted of the *tyrB*, *ipdC*, *puuC*, *DDC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, and *amiE*, which are thought to be involved in IPyA, TAM, IAOx/IAN and IAM pathway. The expression of these genes was then investigated based on the culture duration treatment. Additionally, indole compounds in extracts from various culture time treatments were identified and quantified by HPLC analysis. The results showed that the expression of *puuC*, *nthA*, *nthB*, *DDC*, *amiE*, and *oxdA* genes upregulated in 3 hours of culture duration treatment which was included in the lag phase. Furthermore, IAM metabolites were found in the extracts of culture duration treatments with the highest concentration obtained at 21 hours of incubation. Furthermore, the optimization of IAA production medium components (carbon, nitrogen, and mineral sources) was applied to investigate the expression of genes related to IAA biosynthesis in UBCF\_13 as well as the identification and quantification of indole compounds. The expression of the *tyrB*, *ipdC*, *puuC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, and *amiE* genes increased when sucrose was used as the carbon source. The expression levels of the *ipdC*, *puuC*, *oxdA*, *nthB*, and *amiE* genes also increased in the treatment with yeast extract as the nitrogen source. The *tyrB*, *puuC*, *DDC*, *oxdA*, *nthA*, *nthB*, and *amiE* genes were also upregulated in the culture medium with the addition of magnesium sulfate and calcium carbonate. The culture extract with this medium optimization treatment also produced IAM and IAA metabolites. Overall, the high expression levels of genes related to the IAM pathway (*nthA*, *nthB*, and *amiE*) and the findings of IAM compounds in the extracts of the optimized medium cultures support the hypothesis of the use of the IAM pathway for IAA synthesis by UBCF\_13. Furthermore, elimination tests were carried out for each mineral component to obtain the optimal culture media composition. The test results showed that the optimal conditions and composition of the culture media for IAA production by UBCF\_13 based on the combination of optimization processes consisted of sucrose, yeast extract, magnesium sulfate, and calcium carbonate in 21 hours of culture duration.





*Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan Unand.*

*Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin Unand.*