

## BAB I. PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

Ekosistem hutan mangrove termasuk salah satu sistem lingkungan yang kaya akan biodiversitas, serta berperan sebagai pelindung garis pantai dari abrasi, penyerapan karbon, dan habitat bagi jenis flora dan fauna. Salah satu komponen penting yang sering terabaikan dalam ekosistem ini adalah mikroorganisme tanah yang berperan penting dalam berbagai proses ekologis, khususnya bakteri, yang berperan dalam menjaga keseimbangan biogeokimia melalui proses dekomposisi, fiksasi nitrogen, dan detoksifikasi logam berat. Penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh (Chrisnawati *et al.*, 2023) menunjukkan bahwa bakteri rhizosfer di sedimen mangrove memiliki potensi dalam siklus nutrisi dan bioremediasi, serta perlu dianalisis lebih lanjut secara genomik untuk mengungkap fungsi ekologisnya.

Hutan Mangrove tumbuh di wilayah tropis dan subtropis di seluruh dunia, membentuk zona transisi yang signifikan antara daratan dan laut (Alamsyah *et al.*, 2025). Ekosistem ini sangat dinamis, dipengaruhi oleh fluktuasi pasang surut dan kadar salinitas yang tinggi, sehingga memungkinkan terjadinya pertukaran sedimen, materi organik, serta gas antar kompartemen lingkungan seperti air, tanah, dan atmosfer (Fynnisa *et al.*, 2024). Tanah mangrove yang kaya bahan organik dan bersifat anaerobik menciptakan kondisi yang unik serta mendukung pertumbuhan mikroba dengan potensi bioteknologi yang tinggi, salah satunya ekosistem mangrove di kawasan Mandeh, Kabupaten Pesisir Selatan, Sumatera Barat,

Ekosistem ini dikenal sebagai wilayah konservasi yang memiliki keanekaragaman mikroba yang tinggi (Indah *et al.*, 2022). Berdasarkan analisis vegetasi oleh Aulya (2024), spesies mangrove dominan di kawasan ini adalah *Rhizophora apiculata*, yang tumbuh di sepanjang garis pantai dan muara sungai. Karakteristik tanah mangrove di Mandeh memiliki karakteristik berlumpur, kaya bahan organik, dan bersifat anaerobik, menjadikannya lingkungan yang ideal

bagi pertumbuhan mikroorganisme tanah, seperti bakteri yang berperan dalam siklus biogeokimia.

Mikroorganisme tanah yang hidup di lingkungan hutan mangrove memiliki kapasitas metabolit yang beragam, terutama dalam menghasilkan senyawa bioaktif. Berbagai studi menunjukkan bahwa mikroba-mikroba ini mampu memproduksi senyawa dengan aktivitas farmakologis seperti antibakteri, antijamur, antiparasit, dan senyawa imunomodulator (Subramani & Aalbersberg, 2012). Selain itu bakteri yang terdapat di tanah mangrove memiliki peran penting dalam mendukung pertumbuhan vegetasi dan menjaga kualitas tanah. Bakteri tersebut terlibat dalam proses seperti mineralisasi, penguraian senyawa organik kompleks, dan siklus nitrogen.

Salah satu genus bakteri yang menarik untuk dikaji dari tanah mangrove adalah *Streptomyces*, yang dikenal sebagai produsen utama metabolit sekunder dengan aktivitas biologis yang tinggi. Genus ini memiliki kemampuan menghasilkan berbagai senyawa bioaktif seperti antibiotik, antitumor, antijamur, dan enzim industri, serta berperan dalam penguraian senyawa organik kompleks di tanah. Keberadaan *Streptomyces* di lingkungan ekstrem seperti mangrove menunjukkan potensi adaptasi dan biosintesis metabolit yang unik, sehingga penting untuk dianalisis secara mendalam baik dari sisi genetik maupun kimiawi.

Namun, pendekatan konvensional seperti kultur mikroba di laboratorium hanya mampu mengidentifikasi sebagian kecil mikroorganisme dari sampel lingkungan yang didapatkan, sehingga banyak informasi dan prospek biologi yang potensial tidak dapat dijelaskan dari keanekaragaman mikroorganisme yang tidak dapat dikultur (Vester *et al.*, 2015). Hal ini disebabkan oleh keterbatasan media dan kondisi inkubasi yang tidak sesuai dengan lingkungan alami mikroorganisme tersebut (Chrisnawati *et al.*, 2023). Oleh karena itu, studi keanekaragaman mikroorganisme menggunakan metode non-kultur penting untuk dilakukan.

Teknologi yang dikembangkan untuk keperluan tersebut dikenal dengan istilah metagenomik. Teknik metagenomik ini berkembang sebagai solusi atas keterbatasan metode konvensional dalam menganalisis mikroba yang tidak dapat

dikultur dari suatu ekosistem, yang tidak mendukung pertumbuhan pada media artifisial. Secara mendasar, analisis metagenomik merupakan pengembangan dari teknik molekuler tradisional dalam identifikasi mikroba, dengan perbedaan terletak pada cakupan pembacaan sekuens DNA yang dilakukan secara lebih lengkap, rinci, dan akurat (Susalam, 2023).

Salah satu perkembangan penting dalam analisis metagenomik adalah penggunaan teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS) yang didukung oleh pendekatan bioinformatika. Teknologi ini mampu menyediakan informasi secara efektif dan efisien, seperti proses anotasi gen, pemetaan genom, serta analisis sekuens lanjutan untuk mengidentifikasi gen homolog dan keterkaitan interaksi antar gen (Purwoko *et al.*, 2018). NGS merupakan metode sekuensing yang dapat menghasilkan data dalam jumlah besar dalam waktu relatif singkat, sehingga dikenal sebagai platform sekuensing berkapasitas tinggi (*high throughput sequencing platforms*) (Tasma, 2015). Analisis metagenomik dalam perkembangannya, telah banyak menggunakan NGS untuk menganalisis komposisi dan keragaman komunitas bakteri dalam suatu habitat (Akinsanya *et al.*, 2015). Dengan demikian, integrasi NGS dalam pendekatan metagenomik menjadi kunci dalam eksplorasi keragaman bakteri di lingkungan alami.

Pada penelitian ini dilakukan analisis metagenomik menggunakan teknologi *Oxford Nanopore Technology* (ONT) yang menyediakan sekuensing (pengurutan) bacaan panjang meliputi gen *16S rRNA* region V1-V9 dimana output yang dihasilkan secara cepat, tinggi dan biaya yang relatif terjangkau. Pengujian berbasis *Oxford Nanopore Technology* memungkinkan identifikasi profil dan diversitas mikroorganisme, khususnya bakteri pada tanah mangrove.

Selain pendekatan metagenomik, analisis metabolomik juga menjadi metode penting dalam memahami potensi mikroba secara fungsional. Metabolomik merupakan studi sistematis terhadap profil metabolit kecil yang dihasilkan oleh organisme dalam kondisi lingkungan tertentu. Dalam konteks mikroorganisme tanah mangrove, pendekatan ini dapat mengidentifikasi senyawa bioaktif yang dihasilkan oleh genus *Streptomyces*, serta menghubungkan ekspresi genetik dengan aktivitas metabolik yang relevan secara ekologis maupun terapeutik.

Salah satu teknologi yang umum digunakan dalam analisis metabolomik adalah *Liquid Chromatography-High Resolution Mass Spectrometry* (LC-HRMS). Teknik ini memungkinkan pemisahan dan deteksi metabolit dengan sensitivitas tinggi, serta mampu mengidentifikasi senyawa dengan akurasi massa yang presisi. LC-HRMS sangat efektif dalam mendeteksi senyawa kompleks dari mikroorganisme lingkungan, termasuk metabolit sekunder yang berpotensi sebagai antibiotik, antitumor, atau agen imunomodulator. Berdasarkan uraian di atas maka perlu dilakukan penelitian mengenai kajian metagenomik dan metabolomik dari genus *Streptomyces* isolat tanah mangrove kawasan mandeh.

### B. Rumusan Masalah

1. Bagaimana keanekaragaman komunitas bakteri yang ada pada tanah hutan mangrove Kawasan Mandeh berdasarkan hasil analisis metagenomik menggunakan NGS?
2. Bagaimana identitas taksonomi isolat *Streptomyces* yang diperoleh dari tanah hutan mangrove Kawasan Mandeh berdasarkan analisis sekuens 16S rRNA ?
3. Bagaimana profil senyawa metabolit yang dihasilkan oleh isolat *Streptomyces* dari tanah mangrove Kawasan Mandeh berdasarkan LC-HRMS

### C. Tujuan Penelitian

1. Mengetahui keragaman bakteri pada tanah hutan mangrove secara metagenomik menggunakan teknologi NGS.
2. Menganalisis dan mengonfirmasi identitas taksonomi isolat *Streptomyces* dari tanah hutan mangrove Kawasan Mandeh melalui analisis sekuens gen 16S rRNA.
3. Menganalisis profil senyawa metabolit isolat *Streptomyces* dari tanah hutan mangrove Kawasan Mandeh berbasis LC-HRMS.

### D. Manfaat Penelitian

1. Memberikan informasi tentang keragaman bakteri tanah hutan mangrove.

2. Memberikan informasi tentang potensi metabolit yang dihasilkan oleh isolat *Streptomyces* yang ditemukan di tanah hutan mangrove Kawasan Mandeh.

