

# BAB I PENDAHULUAN

## A. Latar Belakang

*Indole-3-acetic acid* (IAA) adalah senyawa auksin utama pada tanaman yang berperan besar dalam mengendalikan berbagai proses fisiologis, seperti pembelahan dan pembesaran sel, diferensiasi jaringan dan respons tanaman terhadap cahaya serta gravitasi (Woodward dan Bartel, 2005; Teale *et al.*, 2006). Bakteri penghasil IAA dapat melakukan manipulasi proses biosintesis IAA oleh tanaman dengan mengubah kumpulan auksin secara bertahap. Kondisi ini menimbulkan dampak positif ataupun negatif disebabkan adanya perubahan jumlah IAA yang tersedia bagi tanaman dan risiko sensitivitas jaringan tanaman itu sendiri (Spaepen *et al.*, 2007).

Biosintesis IAA pada bakteri sangat dipengaruhi oleh berbagai faktor, seperti genetik dan lingkungan. Faktor genetik yang mempengaruhi biosintesis IAA antara lain lokasi gen regulator biosintesis auksin di dalam genom bakteri, ekspresi gen, dan aktivitas faktor transkripsi regulator gen saat merespon kondisi cekaman (*RpoS* dan *GacS/GacA*) (Brandl *et al.*, 2001). Selain itu, cekaman lingkungan seperti pH masam, tekanan osmotik, keterbatasan karbon dan penurunan laju pertumbuhan juga menginisiasi dan menginduksi biosintesis IAA (Ona *et al.*, 2003; Broek *et al.*, 2005).

Biosintesis IAA pada tanaman terjadi melalui jalur yang berbeda, di antaranya melalui *indole-3-acetamide* (IAM), *indole-3-piruvat* (IPyA), *tryptamine*, dan *indole-3-asetonitrile*. Pada jalur IAM, gen yang terlibat dalam sintesis IAA adalah gen *iaaM*. Produksi IAA melalui jalur ini bisa sangat bervariasi dan dikendalikan oleh mekanisme yang berbeda. Salah satu penginduksinya adalah Triptofan. Sementara itu, produksi IAA melalui jalur IPyA melibatkan gen *ipdC* yang terekspresi lebih tinggi saat bakteri berada di permukaan daun (Lambrecht *et al.*, 2000). Cekaman lingkungan juga menjadi pemicu ekspresi dari faktor transkripsi *RpoS* yang selanjutnya diregulasi oleh gen-gen biosintesis IAA tersebut. Beberapa enzim juga berperan dalam biosintesis IAA seperti enzim *tryptophan-2-monooxygenase*, *nitrilase*, *IAM hydrolase*, *amino*

*transferase*, dan *indole-3-pyruvate decarboxylase* (Saleh dan Glick, 2001; Spaepen *et al.*, 2007).

Ditinjau dari pengaruhnya dalam biosintesis IAA, ekspresi gen *ipdC* yang terlibat di dalam proses biosintesis IAA pada *Azospirillum brasilense* meningkat saat bakteri berada pada kondisi pH yang masam (Ona *et al.*, 2003; Broek *et al.*, 2005). Studi lain, Spaepen *et al.* (2007) menjelaskan bahwa kondisi pH masam merupakan ciri khas lingkungan di daerah perakaran tanaman yang terbentuk akibat adanya pelepasan proton melalui membran sel akar. Kondisi pH masam juga berperan dalam memfasilitasi difusi IAA yang dihasilkan oleh bakteri ke sel inang sehingga mempengaruhi aktivitas inangnya (Patten *et al.*, 2013). Studi terdahulu menyebutkan bahwa produksi IAA tertinggi oleh *Bacillus* spp. MQH-19 terdapat pada pH 6,0 dan produksi tertinggi oleh *Paenibacillus* spp. SPT 03 terdapat pada pH 5,0 (Acuna *et al.*, 2011). Bakteri *Acetobacter diazotrophicus* mampu memproduksi IAA tertinggi pada pH 6,0 (Patil *et al.*, 2011). Produksi IAA tertinggi oleh *Streptomyces* sp. adalah pada pH 7,0 (Khamna *et al.*, 2010). *Rhizobium* VMA 301 memproduksi IAA optimum saat berada dalam medium yang memiliki pH 7,2. Sedangkan produksi IAA tertinggi oleh *Rhizobacteria* isolat CA1001 dan CA2004 terdapat pada pH 9,0 (91,7 $\mu$ g/mL) (Mandal *et al.*, 2007).

Protein yang dihasilkan selama proses biosintesis IAA dapat diketahui dengan pendekatan berbasis proteomik. Pendekatan proteomik mampu menguraikan informasi yang berkenaan dengan suatu proses biologis pada organisme yang melibatkan interaksi berbagai jenis protein. Pendekatan berbasis proteomik memeriksa sejumlah protein yang akan diekspresikan dan melengkapi pemahaman dari aspek genomik. Kode genetik dalam ilmu genomik, tidak selalu dapat menunjukkan level ekspresi protein secara spesifik, maka dengan pendekatan proteomik dapat diketahui ekspresi protein, kuantitas yang dihasilkan dan interaksinya dengan lingkungan biotik dan abiotik (Banks *et al.*, 2000). Melalui pendekatan ini, ekspresi jumlah protein yang muncul selama proses biologis tertentu dapat dipelajari secara bersamaan (Gonzalez-Fernandez dan Jorin-Novo, 2011).

Bakteri *Serratia plymuthica* merupakan salah satu spesies *Serratia* yang dilaporkan memiliki kemampuan sebagai penghasil fitohormon auksin *indole-3-acetic acid* (IAA) (Liu *et al.*, 2011). Dalam satu studi Aisyah *et al.* (2017) mengidentifikasi strain baru *S. plymuthica* yakni strain UBCF\_13/-R\_36 (no. akses: KX394779) yang diisolasi dari filoplan tanaman sawi (*Brassica juncea* L.). Bakteri ini mampu memproduksi IAA secara optimal (116,09 ppm) pada modifikasi L-Triptofan 0,2 % dengan durasi kultur selama 48 jam (Aisyah *et al.*, 2019). Namun, potensi UBCF\_13/-R\_36 sebagai penghasil senyawa pemicu pertumbuhan tanaman masih perlu dikaji lebih mendalam, salah satunya terkait produksi IAA-nya. Hal inilah yang melatarbelakangi pelaksanaan penelitian yang berjudul “**Produksi *Indole-3-Acetic Acid* (IAA) Bakteri Filoplan *Serratia plymuthica* Strain UBCF\_13/-R\_36 pada pH Masam**”.

## **B. Tujuan Penelitian**

Tujuan penelitian ini adalah untuk mendapatkan produksi IAA yang optimal pada bakteri *S. plymuthica* strain UBCF\_13/-R\_36 pada berbagai level kemasaman pH.

## **C. Manfaat Penelitian**

Penelitian ini memberikan gambaran tentang kondisi kemasaman lingkungan terhadap produksi IAA oleh bakteri *S. plymuthica* strain UBCF\_13/-R\_36.

