

# BAB I PENDAHULUAN

## A. Latar Belakang

Tanaman cabai merupakan salah satu komoditas utama budidaya pertanian di Indonesia. Masyarakat Indonesia umumnya menggunakan cabai sebagai salah satu bahan utama untuk berbagai masakan yang dikonsumsi sehari-hari. Namun dalam budidayanya, sebagian besar tanaman cabai terserang hama dan penyakit yang menyebabkan produktifitasnya menurun (Jamsari *et al.*, 2018). Penyakit pada tanaman cabai antara lain disebabkan oleh patogen berupa jamur, virus, dan bakteri patogen. Salah satu jamur patogen utama tanaman cabai adalah *Colletotrichum gloeosporoides* yang menimbulkan penyakit antraknosa. Tanaman cabai yang terjangkit penyakit antraknosa biasanya akan mengalami pembusukan pada buah (Aisyah *et al.*, 2017). Penurunan produktivitas budidaya cabai juga disebabkan oleh serangan virus. Virus utama yang menyerang tanaman cabai adalah kelompok geminivirus dari genus *Begomovirus*, yaitu *Pepper Yellow Leaf Curl Virus* (PepYLCV). PepYLCV ditularkan oleh kutu kebul ke tanaman. Virus PepYLCV menyebabkan penyakit *Pepper Yellow Leaf Curl Disease* (PepYLCD) (Góngora-castillo *et al.*, 2012; Jamsari dan Pedri, 2013). Penyakit yang dikenal dengan penyakit kuning keriting ini menyebabkan penurunan produksi cabai dan dapat mengakibatkan terjadinya gagal panen.

Pada dasarnya, tanaman memiliki respon ketahanan apabila diserang patogen. Respon ketahanan yang dilakukan oleh tanaman dapat melalui mekanisme *Hypersensitive Respon* (HR), *Systemic Acquired Resistance* (SAR), dan *Induction Systemic Resistance* (ISR) (Li *et al.*, 2016; Pieterse *et al.*, 2000). Mekanisme SAR dan HR terjadi apabila ada interaksi tanaman dengan patogen. Infeksi patogen mengakibatkan peningkatan akumulasi asam salisilat (SA) dan mengaktifkan ekspresi gen *Pathogenesis Related* (PR). Akumulasi protein PR pada bagian infeksi menyebar ke bagian yang tidak terinfeksi. Infeksi patogen pada bagian tanaman juga memicu HR dengan reaksi sel tanaman yang mati di sekitar titik infeksi sehingga menghambat infeksi patogen menyebar (Shah *et al.*, 2014; Pajerowska-Mukhtar *et al.*, 2013). Namun, mekanisme ISR memiliki perbedaan dengan SAR dan HR. ISR merupakan sistem ketahanan basal yang

dapat meningkatkan ketahanan dalam spektrum yang luas secara bersamaan (Pieterse *et al.*, 2014). Mekanisme ini melibatkan respon ketahanan jalur asam jasmonat (*JA*) dan etilen (*ET*). *JA* dan *ET* menstimulasi sistem ketahanan *ISR* tanpa harus melalui infeksi patogen. Jalur *JA* dan *ET* diinduksi oleh bakteri non patogenik. Bakteri tersebut mampu menginduksi ekspresi gen-gen ketahanan pada jalur *JA* dan *ET*. Integrasi sistem ketahanan jalur *JA* dan *ET* mengakumulasi *SA* tanpa harus ada infeksi oleh patogen (Ruan *et al.*, 2019). Aktivasi mekanisme *ISR* memberikan kemampuan kepada tanaman untuk melindungi diri dari infeksi patogen. Tanaman juga dapat mempertahankan diri dari penyakit akibat infeksi secara tidak langsung seperti peningkatan hormon auksin endogen yakni *Indole Acetic Acid* (*IAA*). Peningkatan konsentrasi auksin menyebabkan peningkatan akumulasi *SA* (Ghanasyam dan Jain, 2009). Kondisi tersebut juga distimulasi oleh bakteri non patogenik (Ramzan *et al.*, 2016).

Manfaat bakteri non patogenik telah dipelajari oleh ilmuwan untuk upaya dalam mengatasi serangan infeksi patogen. Bakteri tersebut digunakan sebagai agen biologis dalam meningkatkan ketahanan suatu tanaman. Beberapa studi yang telah dilakukan berhasil mengidentifikasi beberapa agen biologis yang memiliki kemampuan antagonis terhadap jamur, bakteri patogen, dan geminivirus. Salah satu contoh bakteri yang banyak digunakan adalah rizobakteri. Kolonisasi rizobakteri pada akar tanaman dapat menginduksi ketahanan *ISR* jalur *JA* dan *ET* (Choudhary *et al.*, 2007). Mustikawati (2017) juga melaporkan bahwa aplikasi rizobakteri juga mampu mengurangi intensitas serangan virus tanaman seperti *Peanut Stripe Virus* (*PSV*) pada tanaman kedelai hingga 54,69%. Rizobakteri juga dapat memproduksi senyawa antimikroba untuk menghambat penyebaran infeksi patogen.

Mota *et al.* (2017) telah mengisolasi bakteri rizosfer (rizobakteri) dan filosfer dari berbagai jenis tanah dan tanaman yang mampu memproduksi senyawa antimikroba (ammonia dan antibiosis) dan enzim hidrolitik (amilase, lipase, protease dan kitinase). Senyawa tersebut menghambat pertumbuhan miselia *Monilinia fruticola*. Isolat bakteri kelompok *Enterobacter* sp dan *Bacillus cereus* juga memproduksi enzim kitinase untuk melisis jamur patogen (Donderski dan Trzebiatowska, 2000; Swiontek dan Donderski, 2006). *Bacillus* spp. dan

*Pseudomonas* spp. memproduksi senyawa fosfat dan IAA yang dapat menghambat pertumbuhan jamur. Beberapa isolat dari spesies *Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia* sp., dan *Bacillus* sp. telah diidentifikasi dapat mengurangi serangan *Cotton Leaf Curl Virus* (CLCuV) pada tanaman kapas (Ramzan *et al.*, 2016).

De Vleeschauwer *et al.* (2009) telah menguji bakteri *Serratia plymuthica* pada perakaran tanaman padi. Studi tersebut menunjukkan kolonisasi *S. plymuthica* strain IC1270 mempengaruhi reaksi oksidatif dalam pertahanan tanaman melawan *Magnaporthe oryzae*, *Rhizoctonia solani* dan *Cochliobolus miyabeanus*. Bakteri tersebut menginduksi sistem ketahanan jalur *JA* dan *ET*. Aisyah *et al.* (2017) telah melakukan uji antagonis bakteri *S. plymuthica* strain UBCF\_13 secara *in vitro*. Isolat ini menunjukkan aktivitas penekanan terhadap jamur *Colletotrichum gloeosporioides*, *Fusarium oxysporum* dan *Sclerotium rolfsii*. Aisyah *et al.* (2019) melaporkan bahwa *S. plymuthica* UBCF\_13 menghasilkan IAA yang juga dapat menekan pertumbuhan dan perkembangan jamur. Studi kemampuan antagonis *S. plymuthica* UBCF\_13 sudah dilakukan secara *in vitro* terhadap jamur patogen, namun pemanfaatan bakteri ini belum diaplikasikan secara langsung pada tanaman seperti tanaman cabai. Interaksi bakteri non patogenik *S. plymuthica* UBCF\_13 belum diketahui pada tanaman terutama cabai.

Pengaruh bakteri non patogenik dengan tanaman secara molekuler dapat diketahui melalui beberapa teknik analisis ekspresi gen seperti *real time PCR* (qPCR) dan sekuensing RNA. Analisis level ekspresi dapat dilakukan pada tahap transkripsi ataupun translasi. Analisis pada tahap transkripsi dapat dilakukan dengan teknik qPCR dan sekuensing RNA. Data yang diperoleh berupa profil transkriptomik. Simsek *et al.* (2017) menyatakan bahwa informasi regulasi gen-gen dapat diketahui melalui data sekuensing RNA. Teknik ini merupakan teknologi yang dapat digunakan untuk mengetahui informasi gen yang terlibat dalam mekanisme metabolisme tanaman. Sehingga informasi tersebut dapat diketahui lebih awal. Analisis profil transkriptomik juga dapat dilakukan menggunakan qPCR apabila gen sudah ditentukan.

Sharma *et al.* (2019) telah menganalisis regulasi gen-gen tanaman kacang kedelai yang diberi perlakuan bakteri *Klebsiella* strain MBE02 menggunakan

teknik sekuensing RNA. Beberapa gen mengalami *up regulated* dan *down regulated* jika dibandingkan dengan tanaman tanpa perlakuan. Pemberian *Klebsiella* MBE02 pada akar bibit tanaman kedelai terlihat meningkatkan ekspresi gen-gen yang terlibat dalam metabolisme *JA* dan *ET*. Li *et al.* (2016) juga melakukan analisis transkriptomik tanaman cabai yang diberi perlakuan Brassinosteroid (BRs). Perlakuan tersebut memberi efek positif selama pertumbuhan dan perkembangan tanaman, serta respon stress abiotik. BRs meregulasi ekspresi gen menjadi meningkat atau menurun.

Berdasarkan uraian tersebut, maka dilakukan penelitian yang berjudul “**Studi Profil Transkriptomik Respon Ketahanan Tanaman Cabai yang Diinduksi *Serratia plymuthica* Strain UBCF\_13**”. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui pengaruh pemberian bakteri *S. plymuthica* UBCF\_13 terhadap level transkripsi gen *PR5* dan mengetahui gen-gen yang responsif ketahanan pada tingkat molekuler tanaman cabai apabila berinteraksi dengan *S. plymuthica* UBCF\_13. Sehingga memberikan informasi yang menjadi landasan untuk pemanfaatan agen biologis bakteri *S. plymuthica* strain UBCF\_13.

## **B. Rumusan Masalah**

Rumusan masalah dari penelitian ini adalah mengkaji profil transkriptomik respon ketahanan tanaman cabai Lotanbar setelah diberi perlakuan *Serratia plymuthica* strain UBCF\_13. Mengetahui apakah *S. plymuthica* strain UBCF\_13 mampu menginduksi gen *PR5* dan bagaimana respon gen-gen ketahanan yang belum diketahui setelah tanaman diberi perlakuan *S. plymuthica* strain UBCF\_13.

## **C. Hipotesis Penelitian**

Hipotesis Penelitian ini ialah *Serratia plymuthica* strain UBCF\_13 memberikan pengaruh terhadap ekspresi gen ketahanan *PR5* dan gen-gen respon ketahanan yang belum diketahui.

#### **D. Tujuan Penelitian**

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui tingkat ekspresi gen *PR5* dan informasi gen-gen respon ketahanan tanaman cabai yang terlibat pada level transkriptomik setelah diberi perlakuan *Serratia plymuthica* strain UBCF\_13.

#### **E. Manfaat Penelitian**

Penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat untuk menghasilkan data profil transkriptom gen-gen yang terlibat dalam mekanisme ketahanan ketika diinduksi oleh bakteri *Serratia plymuthica* UBCF\_13. Data ini dapat digunakan sebagai studi awal dalam mempelajari peran UBCF\_13 pada tanaman cabai.

