

## BAB I

### PENDAHULUAN

#### A. Latar Belakang

Keragaman bakteri dapat dilihat dari berbagai macam aspek, seperti morfologi, fisiologi, dan genetik. Setiap habitat yang berbeda memberikan keragaman yang berbeda pula, contohnya daun, habitat yang banyak dihuni oleh bakteri. Bakteri yang mendiami permukaan daun sangat bervariasi sesuai dengan jenis tanamannya. Populasi bakteri yang menghuni sekitar permukaan daun disebut filosfer (phyllo = daun, phere=sekitar). Banyak sekali keragaman bakteri yang belum teramati, termasuk keragaman bakteri filosfer. Bakteri bersifat kosmopolitan, sehingga dapat hidup pada permukaan daun berbagai jenis tanaman, diantaranya *Ageratum conyzoides* L yang sehari-hari disebut babadotan. *A. conyzoides* L termasuk tanaman obat yang memiliki beberapa kandungan metabolit sekunder dan telah terbukti memiliki aktivitas antibakteri pada *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes* dan *Pseudomonas aeruginosa* (Desiarianty, 2009; Pramitha, 2009; Rosantika 2009).

Hasil penelitian Hardikasari (2009) dan Hapsakti (2009) ekstrak tanaman *A. conyzoides* L terbukti memiliki aktivitas anti fungi pada *Candida albicans* dan *Trycophyton mentagrophytes*. Kelima penelitian di atas telah dilakukan di Universitas Pendidikan Indonesia, namun belum ada yang meneliti tentang keragaman bakteri filosfer *A. conyzoides*. Di Brazil, beberapa perusahaan farmasi telah menggunakan tanaman ini sebagai bahan baku fitokimia. Kebutuhan akan *A. conyzoides* L senantiasa meningkat setiap tahun sehingga mendorong para peneliti

untuk mengembangkan penelitian tanaman ini terutama di bidang pertanian dan obat-obatan (Ming, 1999; Utami dan Robara, 2008). Keberadaan *Ageratum conyzoides* L yang melimpah di Indonesia, dapat menjadi sumber ekonomi yang penting bagi Indonesia.

Kitin merupakan polisakarida paling melimpah ke dua di alam setelah selulosa (Kamil *et al.* 2007; Laila dan Hendri, 2008). Bakteri memanfaatkan kitinase untuk asimilasi kitin sebagai sumber karbon dan nitrogen. Kitinase adalah enzim yang dapat menghidrolisis ikatan  $\beta$ -1,4 antar N-asetil-D-glukosamin pada kitin, menghasilkan monomer N-asetil-D-glukosamin. Banyak organisme seperti bakteri, jamur, tumbuhan tingkat tinggi, dan hewan menghasilkan kitinase (Kamil *et al.* 2007; Tsujibo *et al.* 2003.). Derivat ini banyak dimanfaatkan dalam berbagai bidang seperti biokimia, bioteknologi, farmakologi, medis, dan industri, misalnya sebagai bahan kosmetik, kapsul obat, dan makanan hewan (Suryanto 2005).

Telah banyak diketahui bahwa derivat suatu molekul yang berasal dari bakteri dapat bertindak sebagai penginduksi, atau yang biasa disebut elisitor (Wilson, 2006). Menurut Oku (1994) dalam Pudjihartati, (2006), salah satu peranan kitinase pada ketahanan tanaman terhadap serangan patogen, yaitu melalui pelepasan elisitor endogen oleh aktivitas kitinase yang kemudian memicu reaksi ketahanan sistemik (*systemic acquired resistance/SAR*) pada inang. Peningkatan kebutuhan *A. conyzoides* L sebagai bahan baku fitokimia dan kemampuan bakteri pendegradasi kitin inilah yang membuat keragaman bakteri pada *A. conyzoides* L menarik untuk diisolasi dan diidentifikasi.

Sistem identifikasi bakteri yang selama ini dilakukan masih terbatas pada sistem identifikasi konvensional yaitu pengamatan morfologi (bentuk sel, tepian koloni, jenis Gram dan kenaikan permukaan koloni) dan uji aktivitas biokimia. Sistem identifikasi konvensional yang digunakan pada saat ini membatasi proses identifikasi hanya sampai taksa genus atau sampai spesies untuk beberapa jenis bakteri tertentu. Sehingga banyak spesies bakteri yang sulit diidentifikasi dengan cara konvensional. Untuk mengidentifikasi secara pasti pada tingkatan spesies diperlukan analisis lanjut secara molekuler. Teknik identifikasi menggunakan metode biologi molekuler telah berhasil mengidentifikasi kelompok mikroorganisme dari lingkungan secara spesifik (Gonzalez, 2005: 190). Spesies yang sudah teridentifikasi dapat dilihat dalam situs *List of Prokaryotic Names with Standing in Nomenclature* (<http://www.bacterio.cict.fr/number.html#total>). Salah satu teknik yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi dan menganalisis komunitas mikroorganisme secara molekuler adalah dengan menggunakan teknologi penanda gen *16S rRNA* atau *16S rDNA*. Gen ini adalah gen yang mengkode RNA ribosomal pada subunit kecil ribosom (16S untuk prokariot) dan memiliki urutan yang khas dan berbeda pada setiap bakteri, sehingga bisa dijadikan penanda molekuler untuk proses identifikasi (Gonzalez, 2005:189; Paul, 2007:105-106). Untuk penelitian ini identifikasi keragaman bakteri dilakukan secara konvensional dan molekuler, dengan melakukan isolasi bakteri filusfer *Ageratum conyzoides* L, mengamati morfologinya, melakukan pewarnaan Gram, uji aktivitas kitinolitik dan amplifikasi secara *in vitro*.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan di atas dapat dirumuskan masalah dari penelitian ini, yaitu : “Bagaimanakah keragaman bakteri dan potensi isolat pendegradasi kitin pada filosfer *A. conyzoides* L. ?”

## **C. Pertanyaan Penelitian**

Dari rumusan masalah dapat dituliskan pertanyaan penelitian sebagai berikut :

- 1) Bagaimana keanekaragaman bakteri filosfer *A. conyzoides* L?
- 2) Ada berapa jumlah isolat yang memiliki potensi untuk mendegradasi kitin?
- 3) Spesies apakah bakteri yang memiliki potensi mendegradasi kitin paling tinggi?

## **D. Batasan Masalah**

- 1) Isolat bakteri yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari Isolat bakteri yang diisolasi dari filosfer *A. conyzoides* L .
- 2) Filosfer *A. conyzoides* L yang digunakan berasal dari populasi *A. conyzoides* L yang ada di kebun botani FPMIPA UPI Bandung.
- 3) Ciri morfologi yang diamati adalah jenis Gram, bentuk sel, tepian koloni, warna koloni dan kenaikan permukaan koloni.
- 4) Uji aktivitas biokimia yang digunakan adalah uji kitinolitik
- 5) DNA bakteri yang diamplifikasi dan disekuensing adalah DNA 2 isolat bakteri terpilih yang memiliki zona kitinolitik paling tinggi.
- 6) Primer yang digunakan adalah *forward* primer 63F dan *reverse* primer 1387R (Marchesi, 1998:795) dari gen *16S rRNA*.

