

# BAB 1

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang Masalah

*Mangrove* merupakan ekosistem yang berada di antara ekosistem darat dan air. Indonesia memiliki hutan *mangrove* tropis terluas di dunia melebihi Brazil (1,3 juta ha), Nigeria (1,1 juta ha) dan Australia (0,97 juta ha) yaitu 3,5 juta ha atau sekitar 18-23% jumlah seluruh hutan *mangrove* dunia (Noor *et al.*, 1999).

Luas *mangrove* di Jawa Timur pada tahun 2000 adalah 6.000 ha (Nugroho *et al.*, 2001). Hutan *mangrove* di Jawa Timur umumnya menempati daerah muara sungai dan kawasan terbesar berada di Delta Brantas, meliputi Surabaya, Sidoarjo, Porong, dan Pasuruan (Arisandi, 2001<sup>a</sup>).

Tanah *mangrove* secara umum merupakan campuran antara endapan lumpur, pasir, lempung, dan zat organik. Gerakan pasang tinggi-pasang rendah yang terus-menerus dan aliran air sungai mengakibatkan tanah terendam air, kandungan udara berkurang, kadar garam dan keasaman (pH) tinggi. Lokasi khusus ini menyebabkan banyak kerugian dan kesulitan bagi penghuninya, sehingga tidak banyak yang bertahan hidup di habitat *mangrove* (Kyuma, 2000).

*Mangrove* memiliki kemampuan menerima bahan pencemar dari hulu melalui aliran sungai dan lahan kering di sekitarnya yang dihanyutkan oleh air hujan, merupakan unsur hara bagi bakteri pengurai yaitu amoniak, nitrat, dan nitrit (Madigan, *et al.*, 2002). Menurut Kyuma (2000), kandungan nutrisi terbanyak tanah *mangrove* adalah nitrogen yaitu berkisar 2.000 – 4.000 kg/ha

yang terdapat pada lapisan tanah atas 0-20 cm. Banyaknya kandungan nitrogen merupakan indikator bahwa di *mangrove* dapat ditemukan *Streptomyces*, karena salah satu ciri *Streptomyces* adalah mampu mereduksi senyawa nitrat menjadi nitrit dan perbedaan tekstur tanah *mangrove* dapat mempengaruhi besarnya kandungan nitrogen sehingga merupakan indikator terdapatnya jenis *Streptomyces* yang berbeda.

*Streptomyces* adalah bakteri tanah Gram positif (Zhang, *et al.*, 2003), merupakan kemo-organotrof dan mempunyai peran penting dalam bidang bioteknologi, karena mampu memproduksi beberapa bioaktif metabolit sekunder yaitu antibiotik (Watve *et al.*, 2001). Menurut Hoopwood (1999). *Streptomyces* dapat menghasilkan lebih dari 3000 antibiotik, sedangkan satu spesies *Streptomyces* dapat menghasilkan lebih dari 2-3 antibiotik yang diperoleh secara alami. Jenis antibiotik yang diproduksi oleh *Streptomyces* antara lain : (1) aminoglikosida (2) makrolida, (3) alisiklik, (4) polipeptida, dan beberapa jenis lainnya.

Menurut Isnaeni (1998) mutan *Streptomyces griseus* ATCC 10137 dalam media glukosa ekstrak ragi (pH 7,3; suhu 27<sup>0</sup>C) dapat menghasilkan antibiotik aminosiklitol baru dan telah dibuktikan mempunyai daya hambat terhadap pertumbuhan bakteri Gram positif dan bakteri Gram negatif. Zhang (2003) melalui urutan gen 16S rRNA *Streptomyces* berhasil menemukan galur baru yang belum pernah dipublikasikan yaitu *Streptomyces yunnanensis* sp. Nov. yang dengan teknik elusidasi *Streptomyces yunnanensis* sp. Nov. tersebut mampu menghasilkan antibiotik jenis sikloheksimid sebagai obat anti jamur. Penelitian Price *et al.* (1999) menemukan 4 macam antibiotik yang

diproduksi oleh *Streptomyces coelicolor* yaitu aktinohordin, undesilprodigiosin, metilenomisin, dan *calcium dependent antibiotic* (CDA).

Jumlah spesies *Streptomyces* yang telah ditemukan berdasarkan data *Gene Bank* hingga saat ini adalah 1.489 spesies yang terdiri dari 11 isolat lokal Indonesia dan 1478 isolat di dunia. Berdasarkan peran penting *Streptomyces* yang nantinya dapat dikembangkan sebagai alternatif pengobatan penyakit infeksi, penelitian untuk pencarian isolat *Streptomyces* baru secara besar-besaran pada berbagai habitat sampai sekarang terus dilakukan dan diharapkan *Streptomyces* yang ditemukan adalah spesies yang *survive* terhadap daerah tersebut.

Teknik PCR (*Polimerase Chains Reaction*) akan digunakan dalam penelitian ini untuk menganalisis pola gen 16S rRNA *Streptomyces*. Gen 16S rRNA (*16-Svedberg ribosomal Ribonucleid acid*) dipilih sebagai penanda evolusi yang terdapat pada semua sel makhluk hidup, mempunyai laju evolusi rendah, mempunyai fungsi konstan dalam translasi protein, terdistribusi secara universal, mempunyai urutan menetap di antara jarak filogenetik yang luas, jumlah nukleotida 1,6 – 2,0 kb.

Berdasarkan uraian di atas, penelitian tentang analisis molekuler eksplorasi *Streptomyces* penghasil antibiotik dari isolat tanah ekosistem *mangrove* pantai utara di Jawa Timur khususnya pantai utara Kenjeran Surabaya Surabaya dan pantai utara Probolinggo perlu dilakukan, karena sejauh ini penelitian secara khusus mengenai permasalahan tersebut sangat jarang atau bahkan belum pernah dilakukan. Diharapkan *Streptomyces* yang ditemukan dalam penelitian ini adalah jenis yang kuat, jarang, dan mampu

menghasilkan antibiotik sehingga dapat menambah kekayaan sumber alam hayati Indonesia.

## 1.2 Rumusan Masalah

Penelitian ini dirancang untuk menjawab masalah-masalah sebagai berikut.

1. Apakah terdapat perbedaan jenis *Streptomyces* penghasil antibiotik antara ekosistem *mangrove* pantai utara Kenjeran Surabaya yang mengandung pencemaran tinggi dan pantai utara Probolinggo yang mengandung pencemaran rendah ?
2. Bagaimana profil aktivitas antibakteri *Streptomyces* sp. isolat tanah ekosistem *mangrove* pantai utara Kenjeran Surabaya dan Probolinggo terhadap bakteri Gram positif (*Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Bacillus subtilis*), bakteri Gram negatif (*Escherichia coli* ATCC 25922, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, *Salmonella typhimurium*) ?
3. Bagaimana profil sekuen gen 16S rRNA *Streptomyces* sp. penghasil antibiotik pada isolat tanah ekosistem *mangrove* pantai utara Kenjeran Surabaya dan Probolinggo?