

**PERKEMBANGAN DAN PENERAPAN BIOKIMIA
MOLEKULER DALAM PEMANFAATAN SUMBER DAYA
HAYATI DI INDONESIA**



UNIVERSITAS GADJAH MADA

**Pidato Pengukuhan Jabatan Guru Besar
dalam Bidang Biokimia Molekuler
pada Fakultas Biologi
Universitas Gadjah Mada**

**Disampaikan pada Pengukuhan Guru Besar
Universitas Gadjah Mada
Tanggal 26 Juni 2025**

**Oleh:
Prof. Dr. Yekti Asih Purwestri, S.Si., M.Si.**

Damai sejahtera dari Tuhan senantiasa menyertai kita semua.

Yang Terhormat,
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Majelis Wali Amanat Universitas
Gadjah Mada,
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Akademik Universitas Gadjah
Mada,
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Dewan Guru Besar Universitas Gadjah
Mada,
Rektor dan Para Wakil Rektor Universitas Gadjah Mada,
Dekan dan Para Wakil Dekan Fakultas Biologi, Universitas Gadjah
Mada,
Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat Fakultas Biologi. Universitas
Gadjah Mada,
Direktur dan Kepala Pusat Studi di lingkungan Universitas Gadjah
Mada,
Segenap sivitas akademika Universitas Gadjah Mada,
Para tamu undangan, para dosen, teman sejawat, tenaga kependidikan,
sanak keluarga, para mahasiswa, dan hadirin sekalian yang
berbahagia.

Puji syukur kepada Tuhan Yang Maha Kasih, yang atas kemurahan kasih karunia-Nya, kita semua dapat hadir di Balai Senat, maupun secara daring, pada Upacara Pengukuhan Guru Besar Universitas Gadjah Mada dalam keadaan sehat.

Sungguh merupakan kehormatan bagi saya karena diberi kesempatan untuk menyampaikan pidato pengukuhan sebagai guru besar dalam bidang Biokimia Molekuler yang berjudul:

**Perkembangan dan Penerapan Biokimia Molekuler dalam
Pemanfaatan Sumber Daya Hayati di Indonesia**

Pimpinan sidang dan hadirin yang saya hormati,

Indonesia dikenal sebagai salah satu negara dengan keanekaragaman hayati (biodiversitas) tertinggi di dunia. Kekayaan alam yang terbentang dari Sabang sampai Merauke, berupa flora, fauna, dan mikroorganisme menunjukkan potensi yang luar biasa sebagai sumber daya hayati yang dapat dikembangkan dalam bioteknologi. Berbagai spesies tumbuhan obat dan pangan lokal, hasil laut yang melimpah, serta mikroba endemik, masih minim dieksplorasi, sehingga menjadikan Indonesia sebagai laboratorium alam terbesar di dunia.

Pemanfaatan sumber daya hayati di Indonesia masih terbatas dan umumnya bersifat konvensional. Ada kemungkinan spesies di bumi ini telah punah sebelum sempat dikaji secara ilmiah karena berbagai faktor, seperti hilangnya habitat akibat deforestasi dan pembangunan, perubahan iklim yang cepat, eksploitasi berlebihan, kurangnya penelitian dan dokumentasi ilmiah, masuknya spesies asing yang invasif, serta polusi lingkungan (Sage, 2019). Akibatnya, potensi biologis yang mungkin sangat berguna dalam pengembangan bioprospeksi dan bioteknologi untuk bidang pertanian, kesehatan, lingkungan, dan industri belum sempat dimanfaatkan. Kondisi ini menunjukkan pentingnya upaya pelestarian biodiversitas dan percepatan riset bioprospeksi sebelum lebih banyak spesies hilang secara permanen.

Dalam konteks global, upaya pelestarian dan pemanfaatan sumber daya hayati secara berkelanjutan sangat sejalan dengan *Sustainable Development Goals* (SDGs), khususnya tujuan ke-14 (*Life below water*) dan ke-15 (*Life on Land*), yang menekankan pentingnya melindungi, merestorasi, dan mendukung penggunaan ekosistem perairan dan daratan secara berkelanjutan, serta mencegah kepunahan spesies. Selain itu, pemanfaatan bioteknologi dan riset biokimia molekuler juga berkontribusi pada pencapaian tujuan ke-3 (*Good Health and Well-being*), ke-2 (*Zero Hunger*), ke-6 (*Clean Water and Sanitation*), ke-9 (*Industry, Innovation and Infrastructure*) dan ke-13 (*Climate Action*), dengan mendorong inovasi berbasis biodiversitas untuk memperkuat ketahanan pangan, kesehatan, serta pembangunan ekonomi yang inklusif dan berkelanjutan. Dalam konteks ini, sains modern memegang peranan penting—salah satunya biokimia

molekuler— sebagai bidang ilmu yang sangat strategis untuk menggali dan mengoptimalkan potensi sumber daya hayati tersebut.

Biokimia molekuler adalah bidang ilmu yang mempelajari struktur dan fungsi biomolekul, dengan pemahaman tentang bagaimana biomolekul tersebut saling berinteraksi pada tingkat molekuler dalam menjalankan fungsi tertentu. Ilmu dasar ini menggabungkan pengetahuan antara lain tentang struktur dan fungsi DNA, RNA, protein—termasuk di dalamnya enzim—serta berbagai jalur metabolisme, untuk memahami bagaimana kehidupan bekerja secara kimiawi dan molekuler.

Dalam pidato pengukuhan ini izinkanlah saya menyampaikan terlebih dahulu sejarah perkembangan biokimia molekuler dan selanjutnya aplikasi biokimia molekuler dalam mendukung pemanfaatan sumber daya hayati Indonesia. Dengan pendekatan biokimia molekuler ini diharapkan dapat menjawab berbagai fenomena hayati dan selanjutnya membuka peluang menuju pemanfaatan sumber daya hayati yang lebih cerdas, presisi, dan berkelanjutan.

Pimpinan sidang dan hadirin yang saya hormati,

Sejarah Perkembangan Biokimia Molekuler

Biokimia molekuler merupakan bidang interdisipliner yang lahir dari perpaduan antara biokimia dan biologi molekuler. Perkembangan bidang ini melalui serangkaian penemuan penting sejak awal abad ke-20 yang secara bertahap membentuk fondasi biokimia molekuler (Voet & Voet, 2011).

Pada era awal abad ke-20, biokimia berkembang sebagai ilmu yang mempelajari senyawa kimia dalam organisme hidup dan reaksi-reaksi yang menyertainya, seperti metabolisme biomolekul, yaitu karbohidrat, protein, dan lemak. Penemuan penting pada masa ini antara lain ditemukannya enzim sebagai biokatalisator oleh Eduard Buchner pada tahun 1897, serta klarifikasi jalur metabolisme utama, seperti glikolisis dan siklus asam sitrat, oleh Hans Krebs pada tahun 1937 (Buchner, 1897; Krebs & Johnson, 1937).

Salah satu momen penting dalam peralihan menuju biokimia molekuler adalah penemuan DNA sebagai pembawa informasi genetik. Pada tahun 1944, Avery, MacLeod, dan McCarty menunjukkan bahwa

DNA bertanggung jawab atas transformasi genetik pada bakteri (Avery, MacLeod, & McCarty, 1944). Pada tahun 1953, James Watson dan Francis Crick, dengan dukungan data pencitraan difraksi sinar-X dari Rosalind Franklin, mengungkapkan struktur heliks ganda DNA, penemuan yang menandai revolusi besar dalam perkembangan biologi molekuler modern (Watson & Crick, 1953; Franklin & Gosling, 1953).

Periode 1950 hingga 1970-an dikenal sebagai era revolusi biologi molekuler. Pada masa ini, Francis Crick memperkenalkan konsep dogma sentral biologi molekuler (DNA $\rightarrow$ RNA $\rightarrow$ protein), yang menjadi dasar aliran informasi genetik. Periode ini juga ditandai dengan ditemukannya enzim-enzim penting seperti DNA polimerase dan RNA polimerase (Crick, 1958; Kornberg, 1957), serta pengungkapan kode genetik universal dan mekanisme sintesis protein oleh ribosom, yang secara signifikan memperkuat fondasi biologi molekuler (Nirenberg & Matthaei, 1961).

Pada era 1970–1980-an, teknologi DNA rekombinan mulai berkembang. Paul Berg dan Herbert Boyer berhasil menggabungkan DNA dari spesies yang berbeda (Berg *et al.*, 1972). Teknik kloning gen dan ekspresi protein di *E. coli* menjadi dasar rekayasa genetika. Penemuan teknologi *polymerase chain reaction* (PCR) oleh Kary Mullis pada tahun 1983 merevolusi teknik amplifikasi DNA secara cepat dan efisien (Mullis & Faloona, 1987).

Memasuki era genomik dan pascagenomik pada tahun 1990 – 2000-an, perkembangan ini ditandai oleh dimulainya Proyek Genom Manusia yang berhasil memetakan seluruh urutan genom manusia secara lengkap (Lander *et al.*, 2001; Venter *et al.*, 2001). Penemuan ini menjadi momentum penting dalam biokimia molekuler modern dan memperkenalkan pendekatan - *omics*, seperti genomik, transkriptomik, proteomik, dan metabolomik (Nicholson *et al.*, 2004). Teknologi sekuensing generasi baru memungkinkan penelitian dalam skala besar dan lebih cepat. Proyek genom manusia tersebut diikuti dengan proyek genom berbagai organisme model, termasuk di antaranya tanaman seperti *Arabidopsis thaliana*, *poplar*, jagung, padi, dan tanaman lainnya (*Arabidopsis Genome Initiative*, 2000).

Dalam dekade terakhir, biokimia molekuler memasuki era modern dengan kemajuan teknologi pengeditan gen, seperti CRISPR-

Cas9 (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats-CRISPR associated protein 9*) (Jinek *et al.*, 2012), sintesis dan desain genom secara *de novo* (biologi sintetik) (Gibson *et al.*, 2010), serta integrasi bioinformatika dan kecerdasan buatan dengan perkembangan *machine learning* (Libbrecht & Noble, 2015). Era *Big Data* telah merevolusi pendekatan ilmu biokimia molekuler, terutama dalam upaya eksplorasi dan pemanfaatan sumber daya hayati secara lebih efisien dan presisi. Istilah *Big Data* merujuk pada kumpulan data biologis berskala besar yang memiliki karakteristik volume (jumlah data sangat besar), *velocity* (kecepatan akuisisi dan pemrosesan tinggi), *variety* (beragam jenis dan format data), dan *veracity* (kebenaran serta keandalan data yang kompleks) (Pal *et al.*, 2020). Dalam konteks biokimia molekuler, *Big Data* mencakup data genomik, transkriptomik, proteomik, dan metabolomik yang diperoleh melalui teknologi *high-throughput* seperti *next-generation sequencing* (NGS), spektrometri massa, dan *microarray*. Teknologi komputasi dengan kapasitas tinggi juga akan menjadi pendukung kuat untuk pengelolaan sumber daya hayati. Semua kemajuan ini memperlihatkan peran penting penerapan biokimia molekuler dalam pemanfaatan sumber daya hayati sektor pertanian, kesehatan, lingkungan, dan industri.

Hadirin yang saya muliakan,

Penerapan Biokimia Molekuler dalam Pemanfaatan Sumber Daya Hayati Sektor Pertanian

Perkenankan saya menyampaikan bahwa saya mulai mempelajari berbagai metode biokimia molekuler selama menempuh pendidikan di Program Studi Magister Bioteknologi Sekolah Pascasarjana Universitas Gadjah Mada (UGM). Pada jenjang ini, saya menyusun tesis berjudul “Karakterisasi Molekuler Bakteri Endofit pada Tebu (*Saccharum officinarum* L.)”, dengan menerapkan teknik penanda molekuler gen 16S rDNA untuk mengungkap keanekaragaman bakteri endofit pada batang tebu. Selanjutnya, pada saat menempuh pendidikan doktoral di Laboratorium Plant Molecular Genetics, Graduate School of Biological Science, NAIST, Jepang, saya berkesempatan menggunakan berbagai macam teknik biokimia molekuler untuk menyusun disertasi yang berjudul “Identification and Characterization of Hd3a Interacting

Proteins in Rice (*Oryza sativa* L.)". *Hd3a* (*Heading date 3a*) menghasilkan protein yang berperan sebagai florigen, yaitu sinyal yang dikirim dari daun ke meristem pucuk (ujung tunas) untuk memicu transisi dari fase vegetatif ke fase reproduktif (Kojima *et al.*, 2002). Dalam mengungkapkan fungsi *Hd3a*, pendekatan proteomik, yaitu teknik skrining *yeast two-hybrid*, digunakan untuk mencari protein - protein yang berpasangan dengan *Hd3a* (Purwestri *et al.*, 2017). Hasil penelitian mengidentifikasi beberapa protein yang berperan dalam pensinyalan, salah satunya adalah protein 14-3-3, yakni GF14c (G box protein 14-3-3 factor c) (Taoka *et al.*, 2011).

Eksperimen *in vitro* dan *in vivo*, termasuk *pull-down assay*, *co-immunoprecipitation*, serta *bimolecular fluorescence complementation* (BiFC), mengonfirmasi interaksi tersebut. Analisis fungsional berbasis *reverse genetics*, baik melalui overekspresi dan *knockout* GF14c menunjukkan peran penting interaksi ini dalam regulasi pembungaan (Purwestri *et al.*, 2009). *Hd3a* diekspresikan di daun dan ditranslokasikan melalui floem ke meristem apikal, tempat protein *Hd3a* ini membentuk florigen activation complex (FAC) bersama 14-3-3 (GF14c) dan OsFD1, yang mengaktifkan ekspresi gen pembungaan seperti *OsMADS15* (Tamaki *et al.*, 2007). Struktur kristal protein dari FAC memberikan dasar mekanistik untuk memahami fungsi florigen (Taoka *et al.*, 2011). Protein 14-3-3 bertindak sebagai reseptor intraseluler bagi *Hd3a* dan menjadi kunci dalam pendekatan rekayasa genetik untuk memanipulasi waktu pembungaan.

Salah satu sumber daya hayati lokal Indonesia yang potensial dikembangkan adalah padi, baik yang berpigmen maupun tidak. Beragam padi tersebut menyimpan informasi genetik berharga untuk pengembangan pangan fungsional, karena kandungan nutrisinya, sifat agronomis yang unggul, serta toleransi terhadap cekaman biotik dan abiotik (Purwestri *et al.*, 2023). Sebagai contoh, padi hitam 'Cempo Ireng', salah satu komoditas lokal dari Daerah Istimewa Yogyakarta, digunakan sebagai model tanaman padi untuk studi genomika fungsional, khususnya dalam mengungkap gen yang terlibat dalam inisiasi embriogenesis somatik. Penelitian sebelumnya oleh Waki *et al.* (2011) menunjukkan bahwa RKD (RWP-RK domain-containing protein), anggota keluarga faktor transkripsi yang mengandung domain

RWP-RK, motif kaya arginin (R), triptofan (W), prolin (P), and lisin (K), berperan penting dalam tahap awal embriogenesis pada *Arabidopsis thaliana*. Mutasi pada RKD4 menyebabkan kegagalan elongasi zigot dan pembelahan sel yang tidak normal, sementara ekspresi berlebih RKD4 dapat menginduksi pembentukan embrio somatik. Penemuan ini memiliki implikasi besar dalam bidang bioteknologi pertanian, terutama dalam pengembangan teknik embriogenesis somatik untuk memperbanyak tanaman dan rekayasa genetika. Kemampuan RKD4 dalam mereprogram sel somatik membuka peluang untuk meningkatkan efisiensi memperbanyak tanaman secara *in vitro* dan pengembangan varietas tanaman baru melalui teknik kultur jaringan /kultur *in vitro*. Penelitian terbaru telah mengidentifikasi OsRKD3, sebuah faktor transkripsi pada padi (*Oryza sativa*), yang memiliki kemiripan struktural dan fungsional dengan RKD4 pada *Arabidopsis thaliana* (Purwestri et al.,2023). OsRKD3, yang mengandung domain RWP-RK, disintesis secara *in vitro* selanjutnya disebut *synOsRKD3*, menunjukkan ekspresi spesifik pada jaringan reproduktif dan memiliki kemampuan untuk menginduksi embriogenesis somatik pada varietas padi hitam Indonesia, ‘Cempo Ireng’, yang sebelumnya sulit untuk diregenerasi melalui teknik kultur jaringan/kultur *in vitro* konvensional. Analisis *transcriptome* menunjukkan bahwa *synOsRKD3* mengatur banyak jaringan genetik, termasuk aktivasi faktor transkripsi seperti AP2 (APETALA 2-like)/ERF (ETHYLENE RESPONSE FACTOR), MYB, dan COL (CONSTANS-like), serta gen perombakan kromatin yang berperan dalam pensinyalan hormon dan respons stres. Menariknya, sekitar 37,5% dari gen target *synOsRKD3* memiliki motif promotor serupa dengan target RKD4 di *Arabidopsis*, menunjukkan adanya konservasi regulasi genetik antarspesies. Analisis fenotip lebih lanjut pada tanaman padi overekspresi *synOsRKD3* menunjukkan peningkatan jumlah anakan dan jumlah cabang malai padi.

Penemuan ini berimplikasi besar pada peningkatan efisiensi transformasi genetik dan memperbanyak tanaman secara klonal pada varietas padi yang memiliki nilai nutrasetikal tinggi namun sulit diregenerasi, seperti ‘Cempo Ireng’. Dengan demikian, OsRKD3

berpotensi menjadi alat molekuler strategis dalam pengembangan varietas padi unggul melalui pendekatan embriogenesis somatik.

Hadirin yang saya hormati,

Pendekatan biokimia molekuler dimanfaatkan untuk mengidentifikasi keanekaragaman bakteri endofit pada berbagai jenis tanaman, seperti tebu, sorgum manis, dan pisang (de Fretes *et al.*, 2021; Rahayu *et al.*, 2021). Bakteri endofit merupakan mikroorganisme yang hidup secara simbiotik di dalam jaringan tanaman tanpa menimbulkan gejala penyakit. Keberadaan bakteri ini berperan penting dalam mendukung pertumbuhan tanaman serta meningkatkan ketahanan terhadap stres biotik dan abiotik (Hardoim *et al.*, 2008; Santoyo *et al.*, 2016).

Interaksi antara bakteri endofit dan tanaman merupakan hubungan simbiosis yang kompleks dan dinamis. Bakteri memperoleh habitat dan sumber nutrisi dari jaringan tanaman, sementara tanaman memperoleh berbagai manfaat fisiologis dan metabolik yang menunjang pertumbuhan serta adaptasinya terhadap cekaman lingkungan (Schulz & Boyle, 2006; Compant *et al.*, 2019). Pendekatan biokimia molekuler menjadi sangat penting untuk memahami interaksi ini secara mendalam, karena mampu mengungkap mekanisme yang terjadi pada tingkat gen, enzim, dan molekul sinyal (Glick, 2014; Lata *et al.*, 2018).

Salah satu aspek penting yang diungkap melalui pendekatan ini adalah produksi dan fungsi molekul-molekul sinyal yang dihasilkan oleh bakteri endofit, seperti *indole acetic acid* (IAA), siderofor, *lipochitooligosakarida* (LCO), dan senyawa volatil. Molekul-molekul ini berperan dalam merangsang pertumbuhan tanaman serta mengaktifkan sistem pertahanan intraseluler (Santoyo *et al.*, 2016; Rashid *et al.*, 2016). Deteksi dan karakterisasi molekul-molekul tersebut dilakukan melalui teknik analisis biokimia, seperti kromatografi cair kinerja tinggi (HPLC), spektrofotometri, dan spektrometri massa.

Selain itu, pendekatan biokimia molekuler memungkinkan identifikasi dan analisis aktivitas enzim-enzim penting yang dihasilkan oleh bakteri endofit, seperti *ACC deaminase*, fosfatase, nitrogenase, dan

enzim-enzim hidrolitik lainnya. Enzim *ACC deaminase*, misalnya, memecah senyawa *1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid* (ACC) yang merupakan prekursor utama hormon etilen. Penurunan kadar etilen dalam tanaman berperan penting untuk mempertahankan pertumbuhan akar serta meningkatkan toleransi terhadap kondisi lingkungan yang tidak menguntungkan, seperti kekeringan dan salinitas (Glick, 2014; Kang *et al.*, 2015).

Pendekatan ini juga digunakan untuk mempelajari ekspresi gen spesifik pada tanaman dan bakteri selama proses interaksi berlangsung. Teknik seperti RT-qPCR, RNA-seq, dan *microarray* dimanfaatkan untuk mengidentifikasi gen-gen tanaman yang terinduksi sebagai respons terhadap kolonisasi bakteri, serta gen-gen bakteri yang aktif selama fase endofitik (Compant *et al.*, 2019; Santoyo *et al.*, 2016). Informasi ini menjadi dasar untuk memahami jalur sinyal molekuler dan regulasi genetik yang mengatur hubungan mutualistik tersebut.

Lebih lanjut, pendekatan proteomik dan metabolomik memungkinkan pemetaan interaksi molekul dan protein antara tanaman dan bakteri, serta analisis perubahan profil metabolit sebagai hasil dari interaksi tersebut. Teknik manipulasi genetik, seperti transformasi gen, mutasi *knockout*, dan overekspresi, juga digunakan untuk mengonfirmasi peran spesifik gen atau protein yang terlibat dalam mekanisme simbiosis ini (Lata *et al.*, 2018; Compant *et al.*, 2019).

Dengan demikian, biokimia molekuler berperan sebagai pendekatan integral yang tidak hanya menjelaskan fenomena simbiosis antara bakteri endofit dan tanaman, tetapi juga menjadi landasan bagi pengembangan aplikasi praktis di bidang pertanian. Salah satu implementasi nyatanya adalah pengembangan pupuk hayati dan agen biokontrol berbasis mikroba yang efektif dan spesifik.

Para hadirin yang saya hormati,

Kajian menarik lainnya dalam peningkatan produktivitas tanaman adalah penerapan teknologi priming benih. Priming benih merupakan metode prasinulasi pada tingkat seluler, dimana benih diekspos terlebih dahulu terhadap faktor stres abiotik tertentu guna mempersiapkan respons adaptif sebelum terpapar stres di lingkungan nyata. Tujuannya adalah untuk mengurangi dampak merugikan dari

stres tersebut, sehingga dapat meningkatkan tingkat kelangsungan hidup tanaman (Tanou *et al.*, 2012).

Priming pada tanaman sering dianalogikan dengan vaksinasi pada hewan —yaitu membentuk “kekebalan adaptif” yang berperan sebagai pencegahan atau perbaikan terhadap gangguan di masa depan. Teknologi ini telah digunakan secara luas untuk meningkatkan kualitas dan performa tanaman, terutama dalam menghadapi tantangan lingkungan yang ekstrem. Belakangan ini, para peneliti mengembangkan metode priming untuk menghadapi berbagai kondisi stres seperti suhu ekstrem (dingin atau panas), toksisitas logam berat, salinitas, dan kekeringan. Pendekatan ini bertujuan meningkatkan ekspresi fenotipik yang lebih tahan terhadap stres abiotik.

Beberapa metode priming spesifik telah dikembangkan, salah satunya adalah *halopriming*, yaitu perendaman benih dalam larutan garam anorganik seperti KCl, NaCl, CaCl₂, atau MgSO₄. Metode ini terbukti dapat meningkatkan ketahanan terhadap salinitas sekaligus memperbaiki tingkat perkecambahan, vigor, dan pertumbuhan awal tanaman (Purwestri *et al.*, 2023). Farooq *et al.* (2006) melaporkan bahwa *halopriming* pada benih padi memberikan dampak positif terhadap hasil panen dan kualitas tanaman. Ashraf & Foolad (2005) juga menegaskan efektivitas metode ini dalam menghadapi lingkungan berkadat garam tinggi.

Metode lain yang inovatif adalah *cold plasma priming*, yaitu perlakuan benih dengan plasma dingin bertekanan rendah. Teknologi ini tidak hanya meningkatkan permeabilitas kulit benih dan mempercepat proses imbibisi air, tetapi juga mengaktivasi enzim dan gen pertahanan terhadap stres abiotik tanpa meninggalkan residu bahan kimia (Randeniya & de Groot, 2015; Adhikari *et al.*, 2020). *Cold plasma* telah terbukti mempercepat perkecambahan, meningkatkan vigor benih, serta memperkuat toleransi terhadap suhu tinggi dan kekeringan (Jiang *et al.*, 2014; Siddique *et al.*, 2021).

Sebagai contoh tambahan, penelitian pada jagung menunjukkan bahwa priming benih dapat mengurangi efek negatif salinitas (NaCl) terhadap proses perkecambahan dan pertumbuhan bibit (Yohannes & Abraha, 2013). Selain itu, metode ini juga meningkatkan kemunculan awal tunas, pertumbuhan bibit, serta indeks panen.

Mekanisme molekuler di balik priming melibatkan akumulasi protein pensinyalan atau faktor transkripsi dalam bentuk tidak aktif, serta perubahan epigenetik yang dimodulasi selama paparan stres. Perubahan ini memungkinkan respons yang lebih cepat dan efisien saat tanaman menghadapi stres nyata (Bruce *et al.*, 2007). Studi transkriptomik, proteomik, dan metabolomik telah banyak dilakukan untuk mengidentifikasi regulator transkripsi yang berperan dalam ketahanan terhadap stres abiotik (Tanou *et al.*, 2012). Namun demikian, mekanisme epigenetik molekuler yang mendasari priming benih masih belum sepenuhnya terungkap. Dinamika metilasi dan demetilasi histon sebagai indikator perubahan kromatin menjadi fokus kajian dalam memahami dasar molekuler priming. Pemahaman ini berpotensi dikembangkan menjadi metode peningkatan kualitas benih untuk berbagai tanaman pangan penting seperti padi.

Hadirin yang saya muliakan,

Penerapan Biokimia Molekuler dalam Pemanfaatan Sumber Daya Hayati Sektor Kesehatan

Penerapan biokimia molekuler dalam pemanfaatan sumber daya hayati di sektor kesehatan memiliki potensi yang sangat besar, terutama dalam pengembangan obat-obatan alami dan produk kesehatan berbasis sumber daya lokal. Berbagai studi terkini menunjukkan bahwa senyawa bioaktif dari tanaman seperti padi hitam dapat memberikan manfaat signifikan dalam mengatasi berbagai masalah kesehatan, seperti antikanker, antidiabetik, dan antiinflamasi (Dalimunthe *et al.*, 2020; Singh *et al.*, 2022). Selain itu, senyawa ini juga memiliki efek antiangiogenik pada sel endotel HUVEC yang diinduksi preeklamsia, serta aktivitas antipenuaan melalui perlindungan sel fibroblas terhadap stres oksidatif dan stimulasi proliferasi sel (Christanto *et al.*, 2020; Christanto *et al.*, 2021; Oktavya *et al.*, 2023).

Dengan kemajuan ilmu biokimia molekuler, potensi senyawa bioaktif yang terkandung dalam sumber daya hayati kini dapat dieksplorasi lebih dalam. Biokimia molekuler memungkinkan identifikasi, karakterisasi, dan manipulasi senyawa-senyawa tersebut pada tingkat molekuler untuk menghasilkan produk yang bermanfaat dalam pengobatan dan kesehatan masyarakat (Atanasov *et al.*, 2015).

Hal yang perlu diperhatikan dalam pengembangan nutrasetikal adalah ketersediaan bahan alami tersebut, yaitu pengembangan tanaman tersebut dalam menghasilkan senyawa bioaktif penunjang kesehatan. Salah satu contoh, pengembangan padi hitam yang saat ini dilakukan adalah dengan mengeksplorasi kemampuan menghasilkan senyawa bioaktif pigmen antosianin dan karotenoid yang terakumulasi pada biji (Pereira-Caro *et al.*, 2019; Kusumaningrum *et al.*, 2021; Zhou *et al.* 2022; Thapa *et al.* 2024). Pendekatan yang dilakukan adalah dengan mengintegrasikan studi transkriptomik dan metabolomik untuk mengungkapkan jalur regulasi biosintesis kedua pigmen tersebut. Gen-gen yang berperan dalam jalur biosintesis tersebut dapat dipakai sebagai dasar pengembangan beras yang kaya antosianin dan karotenoid (Lai *et al.*, 2017; Zheng *et al.*, 2019; Zhu *et al.*, 2024).

Penerapan Biokimia Molekuler dalam Pemanfaatan Sumber Daya Hayati Sektor Lingkungan

Pemanfaatan sumber daya hayati untuk menjaga dan memperbaiki kondisi lingkungan telah menjadi fokus utama dalam beberapa dekade terakhir. Tantangan global seperti polusi, kerusakan ekosistem, dan perubahan iklim menuntut pendekatan inovatif yang ramah lingkungan. Dalam konteks ini, biokimia molekuler memainkan peran krusial dalam mengidentifikasi dan memanfaatkan mikroorganisme, tanaman, serta komponen hayati lainnya yang memiliki potensi dalam mitigasi dampak negatif terhadap lingkungan (Singh & Ward, 2004). Pendekatan ini memungkinkan pemahaman mendalam mengenai senyawa bioaktif serta mekanisme molekuler yang bekerja dalam sistem biologis untuk mendukung solusi berbasis hayati dalam pengolahan limbah, bioremediasi, dan peningkatan kualitas tanah (Gavrilescu, 2004).

Beberapa teknik penting dalam biokimia molekuler yang telah diaplikasikan di bidang lingkungan meliputi analisis genetik, proteomik, dan metabolomik. Teknik-teknik ini memungkinkan identifikasi spesifik terhadap organisme atau biomolekul yang memiliki potensi sebagai agen remediasi, baik dalam menangani polusi kimia maupun dalam meningkatkan kesehatan ekosistem (Van Dillewijn *et al.*, 2002). Melalui pemetaan ekspresi gen, protein, dan metabolit,

ilmuwan dapat menyeleksi strain mikroba atau varietas tanaman yang paling adaptif terhadap kondisi ekstrem, seperti kontaminasi logam berat atau senyawa toksik persisten.

Salah satu aplikasi nyata dari pendekatan ini adalah dalam bioremediasi, yaitu pemanfaatan mikroorganisme atau tumbuhan untuk mengurangi atau mengeliminasi polutan lingkungan seperti logam berat, pestisida, dan senyawa organik berbahaya. Peran biokimia molekuler sangat vital dalam proses ini, karena memungkinkan identifikasi enzim spesifik yang terlibat dalam detoksifikasi atau degradasi polutan (Megharaj *et al.*, 2011). Misalnya, bakteri dan jamur tertentu diketahui mampu mendegradasi senyawa toksik melalui aktivitas enzimatis yang dikodekan oleh gen-gen tertentu. Melalui teknik proteomik dan genetika, jalur metabolik yang terlibat dalam bioremediasi dapat diungkap dan dimodifikasi untuk meningkatkan efisiensi detoksifikasi. Pendekatan transgenik dan pengeditan genom modern seperti CRISPR/Cas9 juga membuka peluang rekayasa organisme dengan kemampuan bioremediasi yang lebih tinggi dan spesifik terhadap jenis kontaminan tertentu (Choudhury *et al.*, 2017).

Selain bioremediasi, pendekatan biokimia molekuler juga diterapkan dalam proses biodegradasi limbah organik, yang mencakup limbah dari sektor pertanian, industri, dan rumah tangga. Dengan mengidentifikasi mikroorganisme yang menghasilkan enzim degradasi tertentu, seperti selulase, ligninase, atau lipase, proses penguraian materi organik menjadi senyawa sederhana dapat ditingkatkan. Bakteri dengan kemampuan hidrolisis tersebut berhasil diisolasi dari saluran pencernaan rayap dan bandeng (Mulyani *et al.*, 2021). Pengetahuan tentang mekanisme molekuler yang terlibat dalam proses ini penting untuk meningkatkan efisiensi dan stabilitas sistem pengolahan limbah berbasis biologis (Das & Chandran, 2011).

Contoh konkret penerapan pendekatan ini terlihat dalam penelitian yang berhasil mengisolasi bakteri genus *Streptomyces* dari rizosfer rumput teki (*Cyperus rotundus*) yang tumbuh di area tercemar merkuri. Melalui analisis genetika, ditemukan bahwa isolat tersebut memiliki gen *merA*, yaitu gen yang mengkode enzim merkuri reduktase yang mampu mereduksi Hg^{2+} menjadi bentuk elementer Hg^0 yang volatil dan kurang toksik. Gen tersebut telah berhasil dikloning,

menunjukkan potensi besar sebagai agen bioremediasi untuk detoksifikasi merkuri di lingkungan tercemar (Putri *et al.*, 2021; Nies, 2000; Chee *et al.*, 2014).

Hadirin yang saya hormati,

Peluang dan Tantangan Perkembangan Biokimia Molekuler untuk Mendukung Pemanfaatan Sumber Daya Hayati

Biokimia molekuler telah berkembang menjadi salah satu pilar penting dalam pemanfaatan sumber daya hayati secara berkelanjutan, khususnya pada era bioteknologi modern. Ilmu ini memberikan pemahaman mendalam tentang struktur, fungsi, dan interaksi molekul biologis yang berperan dalam sistem kehidupan, seperti DNA, RNA, enzim, dan metabolit. Kemampuan untuk menganalisis hingga tingkat molekuler membuka peluang besar dalam eksplorasi dan optimalisasi biodiversitas Indonesia yang sangat kaya, baik di bidang pertanian, kesehatan, industri, maupun lingkungan. Melalui teknik seperti rekayasa genetika, CRISPR-Cas9, ekspresi gen, hingga proteomik dan metabolomik, kita dapat memodifikasi atau meningkatkan potensi organisme tertentu untuk menghasilkan produk hayati bernilai tinggi, seperti obat, enzim industri, pupuk hayati, maupun senyawa bioaktif lainnya.

Salah satu peluang besar yang ditawarkan oleh biokimia molekuler adalah peningkatan nilai tambah sumber daya hayati lokal. Misalnya, mikroba endofitik atau varietas padi hitam lokal seperti “Cempo Ireng” dapat dieksplorasi kandungan metabolit sekundernya, kemudian dikembangkan sebagai bahan baku farmasi, pangan fungsional, atau suplemen kesehatan. Pendekatan biokimia molekuler juga memfasilitasi penemuan biomarker spesifik untuk aplikasi diagnostik atau terapi. Selain itu, pendekatan ini penting dalam konservasi plasma nutfah dan perakitan varietas unggul berbasis genetik, sehingga ketahanan pangan dan ketahanan ekosistem lokal dapat ditingkatkan. Dengan dukungan biokimia molekuler, identifikasi cepat dan presisi terhadap sifat unggul suatu organisme dapat dilakukan tanpa harus menunggu waktu yang lama seperti metode konvensional. Dengan memanfaatkan *machine learning* dan bioinformatika, *Big Data* juga mempercepat proses penemuan biomarker, identifikasi gen target

untuk rekayasa genetik, hingga pengembangan varietas tanaman fungsional berbasis profil molekuler. Era *Big Data* memberikan peluang besar dalam pengembangan bioprospeksi sumber daya hayati yang berbasis bukti molekuler, sehingga mendukung inovasi berkelanjutan di sektor pertanian, kesehatan, lingkungan dan industri.

Namun demikian, perkembangan biokimia molekuler dalam pemanfaatan sumber daya hayati di Indonesia tidak lepas dari sejumlah tantangan. Pertama, masih terbatasnya infrastruktur laboratorium molekuler di berbagai daerah, serta kebutuhan akan peralatan canggih seperti sequencer, LC-MS/MS, dan kebutuhan infrastruktur komputasi yang memadai untuk pengelolaan *Big Data*. Kedua, sumber daya manusia lintas disiplin, yaitu antara ahli biologi, kimia, statistik, dan bioinformatika, yang berperan penting dalam menganalisis data omik yang sangat besar dan kompleks. Dalam hal ini sangat diperlukan adanya sinergi dan kolaborasi lintas disiplin ilmu. Tantangan lainnya adalah belum optimalnya integrasi antara hasil riset molekuler dengan sektor industri atau kebijakan nasional, sehingga banyak temuan riset yang masih berhenti di laboratorium dan belum dihilirisasi. Selain itu, isu etika dan *biosafety* juga menjadi perhatian penting dalam pengembangan organisme hasil rekayasa genetika.

Di tengah tantangan tersebut, kolaborasi antara akademisi, peneliti, pemerintah, dan pelaku industri menjadi kunci untuk mendorong kemajuan biokimia molekuler. Investasi dalam pendidikan, pelatihan SDM, dan pembangunan infrastruktur riset sangat dibutuhkan untuk memperkuat kapasitas nasional di bidang ini. Selain itu, perlu disusun kebijakan yang mendukung hilirisasi hasil riset berbasis sumber daya hayati lokal, agar dapat memberikan manfaat langsung bagi masyarakat dan perekonomian. Dengan memanfaatkan potensi besar biokimia molekuler, Indonesia memiliki peluang untuk menjadi pemimpin dalam bioteknologi tropis dan pengembangan bioindustri yang berkelanjutan.

Ucapan Terima Kasih

Bapak-bapak dan Ibu-ibu yang terhormat,

Atas diraihnya jabatan Guru Besar ini, saya mengucapkan terima kasih kepada Pemerintah Republik Indonesia, dalam hal ini

Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, Riset dan Teknologi, yang telah memberikan kepercayaan kepada saya untuk menjabat sebagai Guru Besar dalam bidang Ilmu Biokimia Molekuler di Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada. Saya juga menyampaikan terima kasih kepada Rektor, Senat Akademik, Majelis Guru Besar, Dekan dan Wakil Dekan, Senat, serta Departemen Biologi Tropika Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada yang telah memberikan kesempatan, bantuan, dukungan, dan menyetujui saya untuk menjabat sebagai Guru Besar.

Ucapan terima kasih setulusnya dari saya kepada para guru saya di SD Kristen 2, SMP Negeri 1, dan SMA Negeri 1 Salatiga, yang telah mendidik dan mengajar saya dengan penuh dedikasi. Jasa-jasa para guru saya, yang tidak dapat saya sebutkan satu persatu, akan selalu saya kenang. Kepada seluruh dosen Fakultas Biologi dan Program Studi Magister Bioteknologi Sekolah Pascasarjana UGM, saya sampaikan terima kasih atas bimbingannya sehingga saya mendapatkan kesempatan menerima jabatan akademik tertinggi ini.

Ucapan terima kasih yang tulus saya sampaikan kepada Prof. Dra. Sukarti Moeljopawiro, M.App.Sc., Ph.D., yang telah membimbing saya selama menyelesaikan seminar dan skripsi, dan memberi kesempatan saya menjadi asisten riset beliau dan akhirnya dapat diterima sebagai dosen di Laboratorium Biokimia, Fakultas Biologi UGM. Dedikasi yang beliau tunjukkan menginspirasi saya untuk menjadi pendidik sekaligus peneliti yang bekerja keras dan tulus menjalankan pengabdian. Ucapan terima kasih yang mendalam juga saya sampaikan kepada almarhum Prof. Ir. Moeso Suryowinoto, dosen pembimbing skripsi yang memberikan rekomendasi kepada saya untuk mendaftar sebagai dosen.

Terima kasih saya ucapkan kepada dosen-dosen di Program Studi Magister Bioteknologi UGM yang telah memberikan pemahaman dan keterampilan khususnya dalam bidang biologi molekuler dan membuka cakrawala berpikir baru di bidang bioteknologi. Ucapan terima kasih secara khusus kepada Prof. Ir. Triwibowo Yuwono, Ph.D. dan Prof. Drs. Langkah Sembiring, M.Sc., Ph.D. yang telah menjadi pembimbing tesis saya.

Ucapan terima kasih dan hormat saya yang tidak terhingga kepada pembimbing disertasi saya, almarhum Prof. Dr. Ko Shimamoto

(Nara Institute of Science and Technology [NAIST], Jepang) yang banyak memberi pelajaran tentang bagaimana menjadi seorang *scientist*. Ucapan terima kasih kepada para mentor saya yang selama ini selalu berkolaborasi baik di akademik dan riset, serta terus menerus membantu saya dalam mengembangkan karier setelah saya menyelesaikan studi doktoral: Prof. Dr. Masashi Kawaichi, M.D., Prof. Dr. Yasumasa Bessho, M.D., Prof. Dr. Taku Demura, Prof. Dr. Naotake Ogasawara, Prof. Dr. Toshiro Ito, Ass. Prof. Dr. Nobutoshi Yamaguchi, Prof. Dr. Takayuki Tohge (NAIST), Prof. Dr. Jose Gutierrez-Marcos (University of Warwick, UK), Prof. Dr. rer.nat. Bernhard Grimm (Humboldt University of Berlin, Jerman), Prof. Dr. rer.nat. Wolfgang Nellen (University of Kassel, Jerman) (Prof. R. Manjunatha Kini, Ph.D. (National University of Singapore, Singapura), Prof. Dietmar Haltrich, Ph.D. (BOKU University, Austria), Prof. Montarop Yamabhai, Ph.D. (Surinaree University, Thailand) dan Prof. Teruna Siahaan, Ph.D. (University of Kansas, USA).

Ucapan terima kasih yang tak terhitung saya sampaikan kepada almarhum Ibu Sachiko Iida, ibu saya selama di Jepang, yang telah memberikan banyak doa, perhatian, serta dukungan baik moral maupun material kepada saya dan keluarga saya selama saya studi di Jepang, bahkan selalu mendukung saya dan juga mahasiswa saya untuk dapat berkolaborasi dengan NAIST, melalui beasiswa Iida Scholarship.

Ucapan terima kasih yang tulus juga saya sampaikan kepada senior dan kolega saya, almarhum Prof. Dr. Ir. Joedoro Soedarsono, Prof. Dr. Sujadi, Apt., Prof. Dr. apt. Siswindari, S.U., Prof. dr. Sofia Mubarika Haryana, M.Med.Sc., Ph.D., Prof. Dr. drh. Widya Asmara, Prof. Dr. drh. Wayan Tunas Artama, Prof. Ir. Irfan Dwidya Prijambada, M.Eng., Ph.D., Prof. Ir. Donny Widiyanto, Ph.D., Prof. Dr. Ir. Siti Subandiyah, M.Agr.Sc., Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc., Prof. Widodo, S.P., M.Sc., Ph.D., Dr. biol. hom. Nastiti Wijayanti, M.Si., Dewi Kartikawati Paramita, S.Si., M.Si., Ph.D., dan Dr. Dini Wahyu Kartika Sari, S.Pi., M.Si. yang telah membimbing dan bekerja sama dengan saya di Pusat Studi Bioteknologi UGM. Demikian juga kepada semua staf di PS Bioteknologi, terima kasih atas kebersamaannya dalam bekerja saling menopang untuk kemajuan PS Bioteknologi UGM.

Terima kasih saya haturkan kepada senior saya di Laboratorium Biokimia Fakultas Biologi UGM., almarhum Dr. Hari Hartiko, M.Sc. dan almarhum Drs. Bambang Prayitno, atas doa, bimbingan, dan kesempatan kepada saya untuk berkembang di Laboratorium Biokimia. Demikian juga kepada rekan-rekan di Laboratorium Biokimia, yakni Prof. Dra. Rarastoeti Pratiwi, M.Sc., Ph.D., Dr. Tri Rini Nuringtyas, M.Sc., Woro Anindito Sri Tunjung, M.Sc., Ph.D., Lisna Hidayati, S.Si., M.Biotech., Tyas Ikhsan Hikmawan, S.Si., M.S., Ph.D., Ibu Yuni Hartati, serta Bapak Sumardi, saya ucapkan terima kasih atas kebersamaan dan dukungannya selama ini sehingga Laboratorium Biokimia menjadi *home* untuk saya.

Tidak lupa saya haturkan terima kasih kepada Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc., Prof. Dra. Rarastoeti Pratiwi, M.Sc., Ph.D., dan Prof. Dr. Endang Semiarti, M.S., M.Sc. atas kesediaannya menelaah naskah pidato ini. Ucapan terima kasih yang dalam juga saya sampaikan kepada seluruh sivitas akademika Fakultas Biologi UGM atas kebersamaan yang tulus selama ini, serta kepada para mahasiswa bimbingan saya—yang tidak dapat saya sebutkan satu per satu—yang telah memberi saya kesempatan untuk berproses menjadi seorang mentor, baik di bidang akademik maupun riset. Kerja keras kalian juga menjadi bagian dari pencapaian yang saya peroleh saat ini dan saya mendoakan kalian dapat mengembangkan diri dan menemukan jalan untuk meraih masa depan yang kalian inginkan. Terima kasih juga kepada para mitra, sahabat, serta kolega yang tidak dapat saya sebutkan satu per satu, saya ucapkan terima kasih atas kebersamaannya selama ini, terkhusus kepada teman-teman Naisters Indonesia yang senantiasa mendukung saya. Terima kasih untuk kolega di grup riset *pigmented rice*, rekayasa protein dan peptida terapan, tim YSDS, tim PT Widya Life Science, komunitas iGEM UGM, grup riset *mineral processing*, tim editorial IJBitech, tim BioMIC, dan kolega di Komisi Keamanan Hayati Produk Rekayasa Genetik yang telah kebersamai saya selama ini untuk mewujudkan impian kita memajukan bioteknologi di Indonesia dengan memanfaatkan kekayaan sumber daya hayati kita. Sinergisme dan kolaborasi semoga menjadi 'roh' yang selalu menyemangati kita dalam berkarya....mulai dari hal-hal kecil yang dapat kita lakukan semoga bermakna dan berdampak ke depannya.

Tiada rangkaian kata atau kalimat yang tepat yang dapat mengungkapkan rasa terima kasih yang tak terhingga kepada orang tua saya almarhum Bapak Supratjaja yang senantiasa mendorong saya untuk mencapai pendidikan yang setinggi-tingginya di tengah segala keterbatasan keluarga. Juga kepada almarhumah Ibu Jo Chriani dan Ibu Soeprihatin yang mendukung dan mencintai saya. Terima kasih yang setulus-tulusnya kepada saudara saya — Yoga Adi Pramantya dan Eva, almarhum Rahmadi Tri Prasetyo, Biworo Kristianto dan Iin, Yekti Nugraheni dan Harun— serta keponakan-keponakan saya —Dea, Lisa, Donal, Baron, Darel, dan Yonas— yang selalu kebersamai dan mendukung selama perjalanan hidup saya, meskipun kita sering dipisahkan oleh jarak dan waktu. Kepada keluarga besar Yoso Raharjo, terkhusus Bulik Sri dan Om Yudha, serta keluarga besar Wongsodi mulyo, terkhusus Bulik Sadremi yang memberikan doa restu dan dukungan saat saya menyelesaikan pendidikan sarjana. Rasa terima kasih yang mendalam saya ucapkan kepada mertua almarhum Bapak Sawaldi dan almarhumah Ibu Sriyatun yang juga selalu mendukung dan mendoakan saya, juga kepada saudara ipar saya —Mbak Moeng dan Mas Pujadi, Alm.Mbak Nunun, Mas Didik dan Mbak Endang, Mas Maya dan Mbak Nanik, Mas Agus, Dik Mamik— terima kasih atas kasih persaudaraan kita.

Kepada suami tercinta, Indrianto Adiatmo, dan Ananda tercinta, almarhum In Kristo Abadi dan In Kristi Tikam Tirani, tanpa dukungan cinta kasih dan pengorbanan kalian dalam menghadapi segala tantangan dan rintangan kehidupan, saya tidak akan mencapai posisi seperti saat ini. Terima kasih atas suasana kehangatan kekeluargaan yang selalu kebersamai saya selama ini. Semoga ke depannya keluarga kita dapat menjadi lebih bermakna bagi sesama.

Terakhir, kepada para hadirin yang telah berkenan meluangkan waktu dan bersabar mengikuti acara ini, saya mengucapkan terima kasih. Kepada seluruh rekan yang telah membantu penyelenggaraan acara ini, saya juga mengucapkan terima kasih. Apabila ada kekurangan dan kesalahan mohon kiranya dimaafkan.

Terima kasih. Damai sejahtera beserta kita semua.

REFERENSI

- Adhikari, B., Adhikari, M., Ghimire, B., Park, G., Han, I. 2020. Cold Plasma Seed Priming Modulates Growth, Redox Homeostasis, and Stress Signaling of Soybean Seedlings Under Drought Stress. *Scientific Reports* 10:17510. DOI: 10.1016/j.freeradbiomed.2020.06.003.
- Arabidopsis Genome Initiative. 2000. Analysis of the Genome Sequence of the Flowering Plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* 408(6814):796–815. DOI: 10.1038/35048692.
- Ashraf, M., & Foolad, M.R. 2005. Pre -Sowing Seed Treatment—A Shotgun Approach to Improve Germination Growth and Crop Yield Under Saline and Non-Saline Conditions. *Advances in Agronomy* 88:223–271. DOI: 10.1016/S0065-2113(05)88006-X.
- Atanasov, A.G., Waltenberger, B., Pferschy -Wenzig, E.M., Linder, T., Wawrosch, C., Uhrin, P., Temml, V., Wang, L., Schwaiger, S., Heiss, E.H., Rollinger, J.M., Schuster, D., Breuss, J.M., Bochkov, V., Mihovilovic, M.D., Kopp , B., Bauer, R., Dirsch, V.M., Stuppner, H. 2015. Discovery and Resupply of Pharmacologically Active Plant-Derived Natural Products: A Review. *Biotechnology Advances* 33(8):1582–1614. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2015.08.001.
- Avery, O.T., MacLeod, C.M., McCarty, M. 1944. Studies on the Chemical Nature of the Substance Inducing Transformation of Pneumococcal Types. *Journal of Experimental Medicine* 79(2):137–158. DOI: 10.1084/jem.79.2.137.
- Berg, P., Baltimore, D., Boyer, H.W., Cohen, S.N., Davis, R.W., Hogness, D.S., Nathans, D. 1972. Potential Biohazards of Recombinant DNA Molecules. *Science* 185(4148):303. DOI: 10.1126/science.185.4148.303.
- Bruce, T. J. A., Matthes, M. C., Napier, J. A., Pickett, J. A. 2007. Stressful “Memories” of Plants: Evidence and Possible Mechanisms. *Plant Science* 173:603–608. DOI: 10.1016/j.plantsci.2007.09.002.

- Buchner, E. 1897. Alkoholische Gärung ohne Hefezellen. *Berichte der Deutschen Chemischen Gesellschaft* 30(1):117–124. DOI: 10.1002/cber.189703001215.
- Chee, S.Y., Lee, L.H., Tan, L.T.-H., Chan, K.-G. 2014. Isolation and Characterization of Mercury-Resistant *Streptomyces* from Metal-Contaminated Site. *BioMed Research International* 2014:397890. DOI: 10.1155/2014/397890.
- Christanto, D.R., Mose, J.C., Yuniarti, T., Bestari, M.B., **Purwestri, Y.A.**, Fauziah, P.N. 2020. The Role of Black Rice Bran (*Oryza sativa* L. ‘Sembada Hitam’) on Levels of Malondialdehyde in Induction Human Umbilical Vein Endothelial Cell Serum Preeclampsia. *Open Journal of Obstetrics and Gynecology* 10(10):1686–1692. DOI: [10.4236/ojog.2020.10120152](https://doi.org/10.4236/ojog.2020.10120152).
- Christanto, D.R., **Purwestri, Y.A.**, Munthe, J.N., Mose, J.C., Bestari, M.B., Fauziah, P.N., Yuniarti, T. 2021. Anti-angiogenic Effect of Black Rice Bran (*Oryza sativa* L. ‘Sembada Hitam’) on Soluble Fms-like Tyrosine Kinase and Placental Growth Factor in Preeclampsia. *Systematic Reviews in Pharmacy* 12(1):1594–1597. DOI:[10.31838/srp.2021.1.225](https://doi.org/10.31838/srp.2021.1.225).
- Choudhury, S.R., Panda, S.K., Dey, S. 2017. CRISPR/Cas9 Technology for Sustainable Agriculture. *Agriculture & Food Security* 6:49. DOI: 10.1186/s40066-017-0126-3.
- Clarridge, J.E. 2004. Impact of 16S rRNA Gene Sequence Analysis for Identification of Bacteria on Clinical Microbiology and Infectious Diseases. *Clinical Microbiology Reviews* 17(4):840–862. DOI: 10.1128/CMR.17.4.840-862.2004.
- Compant, S., Samad, A., Faist, H., Sessitsch, A. 2019. A Review on the Plant Microbiome: Ecology, Functions, and Emerging Trends in Microbial Application. *Journal of Advanced Research* 19:29–37. DOI: 10.1016/j.jare.2019.03.004.
- Crick, F. 1958. On Protein Synthesis. *Symposia of the Society for Experimental Biology* 12:138–163.
- de Fretes, C.E., Widiyanto, D., **Purwestri, Y.A.**, Nuringtyas, T.R. 2021. Plant Growth-Promoting Activity of Endophytic Bacteria from Sweet Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). *Indonesian*

- Journal of Biotechnology* 26(4):190–196. DOI: 10.22146/ijbiotech.64893.
- Dalimunthe, A., Sembiring, Z., Nasution, M. 2020. Aktivitas Antioksidan dan Antidiabetes Ekstrak Metanol dari Beras Hitam (*Oryza sativa* L. var. Cempo Ireng). *Jurnal Kimia VALENSI* 6(1):65–72. DOI: 10.15408/jkv.v6i1.14236.
- Das, N., Chandran, P. 2011. Microbial Degradation of Petroleum Hydrocarbon Contaminants: An Overview. *Biotechnology Research International* 2011:941810. DOI: 10.4061/2011/941810.
- Farooq, M., Basra, S. M. A., Wahid, A. 2006. Priming of Field Sown Rice Seed Germination, Seedling Establishment, Allometry, and Yield. *Plant Growth Regulation* 49: 285-294. DOI: 10.1007/s10725-006-9138-y.
- Franklin, R., Gosling, R.G. 1953. Molecular Configuration in Sodium Thymonucleate. *Nature* 171(4356):740–741. DOI: 10.1038/171740a0.
- Gavrilescu, M. 2004. Removal of Heavy Metals from the Environment by Biosorption. *Engineering in Life Sciences* 4(3):219–232. DOI: 10.1002/elsc.200420026.
- Gibson, D.G., Glass, J.I., Lartigue, C., Noskov, V.N., Chuang, R.Y., Algire, M.A., Venter, J.C. 2010. Creation of A Bacterial Cell Controlled by A Chemically Synthesized Genome. *Science* 329(5987):52–56. DOI: 10.1126/science.
- Glick, B.R. 2014. Bacteria With ACC Deaminase Can Promote Plant Growth and Help to Feed the World. *Microbiological Research* 169(1):30–39. DOI: 10.1016/j.micres.2013.09.009.
- Hardoim, P.R., van Overbeek, L.S., van Elsas, J.D. 2008. Properties of Bacterial Endophytes and Their Proposed Role in Plant Growth. *Trends in Microbiology* 16(10):463–471. DOI: 10.1016/j.tim.2008.07.008.
- Jiang, J., Lu, Y., Zhang, H., & Liu, H. 2014. Effects of Cold Plasma Treatment on Seed Germination and Seedling Growth of Wheat. *Plasma Science and Technology* 16(6):568–572. DOI: 10.1088/1009-0630/16/1/12.
- Jinek, M., Chylinski, K., Fonf ara, I., Hauer, M., Doudna, J.A., Charpentier, E. 2012. A Programmable Dual-RNA–Guided DNA

- Endonuclease in Adaptive Bacterial Immunity. *Science* 337(6096):816–821. DOI: 10.1126/science.1225829.
- Kaneko-Suzuki, M., Kurihara-Ishikawa, R., Okushita-Terakawa, C., Kojima, C., Nagano-Fujiwara, M., Ohki, I., Tsuji, H., Shimamoto, K., Taoka, K.I. 2018. TFL1-like Proteins Are Essential Regulators of Inflorescence Development in Rice. *Development* 145(5):dev155812. DOI: 10.1093/pcp/pcy021.
- Kang, S.M., Khan, A.L., Waqas, M., You, Y.H., Kim, J.H., Kim, J.G., Lee, I.J. 2015. Plant Growth-Promoting Rhizobacteria Reduce Adverse Effects of Salinity and Drought Stress on Plant Growth Through Antioxidant and Hormonal Modulation. *Plant Physiology and Biochemistry* 84:70–77. DOI: 10.1016/j.plaphy.2014.09.001.
- Kojima, S., Takahashi, Y., Kobayashi, Y., Monna, L., Sasaki, T., Araki, T., Yano, M. 2002. *Hd3a*, A Rice Ortholog of the *Arabidopsis FT* Gene, Promotes Transition to Flowering Downstream of *Hd1* Under Short-Day Conditions. *Plant Cell Physiology* 43(10):1096–1105. DOI: 10.1093/pcp/pcf156.
- Kornberg, A. 1957. Enzymatic Synthesis of DNA. *Science* 129(3361):1300–1304.
- Krebs, H.A., Johnson, W.A. 1937. The Citric Acid Cycle. *Enzymologia* 4:148–156.
- Kusumaningrum, I.A., Haryanto, D., Damayanti, E. 2021. Profil Ekspresi Gen Biosintesis Antosianin pada Beras Hitam. *Jurnal Biologi Indonesia* 17(1):99–110.
- Lai, Y., Fan, R., Huang, J., Guo, Z., Hu, J., Li, Y. 2017. Comparative Transcriptome Analysis Reveals Key Genes Potentially Related to Anthocyanin Biosynthesis in Black Rice (*Oryza sativa* L.). *Genomics* 109(5–6):287–296. DOI: 10.1016/j.ygeno.2017.05.001.
- Lander, E.S., Linton, L.M., Birren, B., Nusbaum, C., Zody, M.C., Baldwin, J., Devon, K., Dewar, K., Doyle, M., FitzHugh, W., Funke, R., Gage, D., Harris, K., Heaford, A., Howland, J., Kann, L., Lehoczy, J., LeVine, R., McEwan, P., McKernan, K., ... International Human Genome Sequencing Consortium. 2001.

- Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome. *Nature* 409(6822):860–921. DOI: 10.1038/35057062.
- Lane, D.J. 1991. 16S/23S rRNA Sequencing. In: Stackebrandt, E., Goodfellow, M. (eds). *Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics*, pp. 115 –175. John Wiley & Sons. Lata, R., Chowdhury, S., Gond, S.K., White, J.F. 2018. Induction of Abiotic Stress Tolerance in Plants by Endophytic Microbes. *Letters in Applied Microbiology* 66(4):268–276. DOI: 10.1111/lam.12855.
- Libbrecht, M.W., Noble, W.S. 2015. Machine Learning Applications in Genetics and Genomics. *Nature Reviews Genetics* 16(6):321–332. DOI: 10.1038/nrg3920.
- Megharaj, M., Ramakrishnan, B., Venkateswarlu, K., Sethunathan, N., Naidu, R. 2011. Bioremediation Approaches for Organic Pollutants: A Critical Perspective. *Environment International* 37(8):1362–1375. DOI: 10.1016/j.envint.2011.06.003.
- Mullis, K., Faloona, F. 1987. Specific Synthesis of DNA *In Vitro* via A Polymerase Chain Reaction. *Methods in Enzymology* 155:335–350. DOI: 10.1016/0076-6879(87)55023-6.
- Mulyani, P.D., Nashrurrokhman, M., Handayani, S., Arif, S.A., Purwestri, Y.A. 2021. Extracellular Enzymes of *Bacillus licheniformis* from Milkfish Gut as Degradation Agent of *Chlorella vulgaris* Cell Wall. *Research Journal of Biotechnology* 16(3):68–74.
- Nicholson, J.K., Lindon, J.C., Holmes, E. 2004. ‘Metabonomics’: Understanding the Metabolic Responses of Living Systems to Pathophysiological Stimuli via Multivariate Statistical Analysis of Biological NMR Spectroscopic Data. *Xenobiotica* 29(11):1181–1189. DOI: 10.1080/004982599238047.
- Nies, D.H. 2000. Heavy Metal-Resistant Bacteria As Extremophiles: Molecular Physiology and Biotechnological Use of *Ralstonia* sp. CH34. *Extremophiles* 4:77–82. DOI: 10.1007/s007920050142.
- Nirenberg, M., Matthaei, J.H. 1961. The Dependence of Cell-Free Protein Synthesis in *E. coli* Upon Naturally Occurring or Synthetic Polyribonucleotides. *Proceedings of the National*

- Academy of Sciences* 47(10):1588–1602. DOI: 10.1073/pnas.47.10.1588.
- Pal, S., Mondal, S., Das, G., Khatua, S. and Ghosh, Z. 2020. Big Data in Biology: The Hope and Present-Day Challenges in It. *Gene Reports* 21: 100869. DOI: [10.1016/j.genrep.2020.100869](https://doi.org/10.1016/j.genrep.2020.100869).
- Oktavya, G., **Purwestri, Y.A.**, Saragih, H.T.S.G., Nuriliani, A. 2023. Ethanolic Extract of Black Rice ‘Sembada Hitam’ Bran Protects the Cytotoxic Effect of H₂O₂ on NIH3T3 Cells. *Current Research in Nutrition and Food Science* 11(1):389–400. DOI: 10.12944/CRNFSJ.11.1.29.
- Pereira-Caro, G., Watanabe, S., Crozier, A., Fujimura, T., Yokota, T., Ashihara, H. Phytochemical Profile of A Japanese Black-Purple Rice. *Food Chemistry* 141(3):2821–2827. DOI: 10.1016/j.foodchem.2013.05.100.
- Purwestri, Y.A.**, Lee, Y.S., Meehan, C., Mose, W., Susanto, F.A., Wijayanti, P., Fauzia, A.N., Nuringtyas, T.R., Hussain, N., Putra, H.L., Gutierrez-Marcos, J. 2023. *RWP-RK* Domain 3 (*OsRKD3*) Induces Somatic Embryogenesis in Black Rice. *BMC Plant Biology* 23:202. DOI: 10.1186/s12870-023-04220-z.
- Purwestri, Y.A.**, Nurbaiti, S., Putri, S.P.M., Wahyuni, I.M., Yulyani, S.R., Sebastian, A., Nuringtyas, T.R., Yamaguchi, N. 2023. Seed Halopriming: A Promising Strategy to Induce Salt Tolerance in Indonesian Pigmented Rice. *Plants (Basel)* 12(15):2879. DOI: 10.3390/plants12152879.
- Purwestri, Y.A.**, Susanto, F.A., Tsuji, H. 2017. Plant Engineering: *Hd3a* Florigen Recruits Different Protein to Reveal its Function in Plant Growth and Development. *InTech open*. ISBN: 978-953-51-3608-8. DOI: 10.5772/65225.
- Purwestri, Y.A.**, Ogaki, Y., Tamaki, S., Tsuji, H., Shimamoto, K. 2009. The 14 -3-3 Protein GF14c Acts As A Negative Regulator of Flowering in Rice by Interacting With the Florigen *Hd3a*. *Plant and Cell Physiology* 50(3):429–438. DOI: 10.1093/pcp/pcp012.
- Putri, W.A., Rahayu, H.M., Khasanah, A.U., Sembiring, L., Kawaichi, M., **Purwestri, Y.A.** 2021. Identification of Mercury-Resistant *Streptomyces* Isolated from *Cyperus rotundus* L. Rhizosphere and Molecular Cloning of Mercury (II) Reductase Gene. *Indonesian*

- Journal of Biotechnology* 26(4):206–213. DOI: 10.22146/ijbiotech.65989.
- Rahayu, T., **Purwestri, Y.A.**, Subandiyah, S., Suparmin, A., Widiyanto, D. 2021. Exploration of Core Endophytic Bacteria from Different Organs of Diploid *Musa balbisiana* and Triploid *Musa acuminata*. *Agriculture and Natural Resources* 55(5):788–795.
- Randeniya, L.K., & de Groot, G.J.J.B. 2015. Non-Thermal Plasma Treatment for Seed Germination and Plant Growth Enhancement. *Trends in Biotechnology* 33(10):593–594. DOI: 10.1186/s13765-023-00852-9.
- Rashid, M.I., Mujawar, L.H., Shahzad, T., Almeelbi, T., Ismail, I.M.I., Oves, M. 2016. Bacteria and Fungi Can Contribute to Nutrients Bioavailability and Aggregate Formation in Degraded Soils. *Microbiological Research* 183:26–41. DOI: 10.1016/j.micres.2015.11.007.
- Sage, R.F. 2019. Global Change Biology: A Primer. *Global Change Biology* 26(1):3–30. DOI: [10.1111/gcb.14893](https://doi.org/10.1111/gcb.14893).
- Santoyo, G., Moreno-Hagelsieb, G., Orozco-Mosqueda, M.C., Glick, B.R. 2016. Plant Growth-Promoting Bacterial Endophytes. *Microbiological Research* 183:92–99. DOI: 10.1016/j.micres.2015.11.008.
- Schulz, B., Boyle, C. 2006. What Are Endophytes? In: Schulz, B., Boyle, C.J., Sieber, T.N. (eds). *Microbial Root Endophytes*, pp. 1–13. Springer.
- Siddique, S., Fatima, S., Farooq, M., & Cheema, M.A. 2021. Cold Plasma Seed Priming Improves Growth and Stress Tolerance in Rice. *Environmental and Experimental Botany* 181:104301. DOI: 10.1016/j.indcrop.2025.120899.
- Singh, A., Ward, O.P. 2004. Biodegradation and Bioremediation. In: *Biodegradation and Bioremediation*, pp. 1–18. Springer.
- Singh, R.S., Walia, A.K., Kennedy, J.F. 2022. Anthocyanins and Carotenoids As Nutraceuticals for Human Health: Current Status and Future Perspectives. *International Journal of Biological Macromolecules* 206:943–956. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2022.03.032.

- Tamaki, S., Matsuo, S., Wong, H.L., Yokoi, S., Shimamoto, K. 2007. Hd3a Protein is A Mobile Flowering Signal in Rice. *Science (New York, N.Y.)* 316(5827):1033–1036. DOI: 10.1126/science.1141753.
- Tanou, G., Fotopoulos, V., Molassiotis, A. 2012. Priming Against Environmental Challenges and Proteomics in Plants: Update and Agricultural Perspective. *Frontiers in Plant Science* 3: 216. DOI: 10.3389/fpls.2012.00216.
- Taoka, K., Ohki, I., Tsuji, H., Furuita, K., Hayashi, K., Yanase, T., Yamaguchi, M., Nakashima, C., **Purwestri, Y.A.**, Tamaki, S., Ogaki, Y., Shimada, C., Nakagawa, A., Kojima, C., Shimamoto, K. 2011. 14-3-3 Proteins Act As Intracellular Receptors for Rice *Hd3a* Florigen. *Nature* 476:332–335. DOI: 10.1038/nature10272.
- Thapa, M., Liu, L., Barkla, B.J., Kretschmar, T., Rogiers, S.Y., Rose, T.J. Accumulation Patterns of Anthocyanin and γ -oryzanol During Black Rice Grain Development. *PLoS One* 19(5):e0302745. DOI: 10.1371/journal.pone.0302745.
- Tolani, P., Gupta, S., Yadav, K., Aggarwal, S., Yadav, A.K. 2021. Big Data, Integrative Omics and Network Biology. *Advances in Protein Chemistry and Structural Biology* 127:127–160. DOI: 10.1016/bs.apcsb.2021.03.006.
- Van Dillewijn, P., Villacieros, M., Wackett, L.P., Ramos, J.L. 2002. Engineering Biodegradation of 2,4-dinitrotoluene in *Pseudomonas putida*. *Applied and Environmental Microbiology* 68(12):6347–6352. DOI: 10.1128/AEM.68.12.6347-6352.2002.
- Venter, J.C., Adams, M.D., Myers, E.W., Li, P.W., Mural, R.J., Sutton, G.G., Smith, H.O.,
- Yandell, M., Evans, C.A., Holt, R.A., Gocayne, J.D., Amanatides, P., Ballew, R.M., Huson, D.H., Wortman, J.R., Zhang, Q., Kodira, C.D., Zheng, X.H., Chen, L., Skupski, M., ... Zhu, X. 2001. The Sequence of the Human Genome. *Science* 291(5507):1304–1351. DOI: 10.1126/science.1058040.
- Voet, D., Voet, J.G. 2011. *Biochemistry* (4th ed.). John Wiley & Sons.
- Waki, T., Hiki, T., Watanabe, R., Hashimoto, T., Nakajima, K. 2011. The *Arabidopsis* RWP-RK Protein *RKD4* Triggers Gene Expression and Pattern Formation in Early Embryogenesis.

Current Biology 21(16):1277–1281. DOI:
10.1016/j.cub.2011.07.001.

- Watson, J.D., Crick, F.H. 1953. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature* 171(4356):737–738. DOI: 10.1038/171737a0. Yohannes, G. & Abraha, B. 2013. The Role of Seed Priming in Improving Seed Germination and Seedling Growth of Maize (*Zea mays* L.) Under Salt Stress at Laboratory Conditions. *African Journal of Biotechnology* 12(46):6484–6490. DOI: 10.5897/AJB2013.13102.
- Zheng, J., Wu, H., Zhu, H., Huang, C., Liu, C., Lu, J. 2019. Integrated Metabolomic and Transcriptomic Analysis Reveals Novel Insights into the Anthocyanin Biosynthesis Pathway in Black Rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Science* 287:110174. DOI: 10.1016/j.plantsci.2019.110174.
- Zhou, Z., Li, H., Wei, R., Li, D., Lu, W., Weng, Z., Yang, Z., Guo, Y., Lin, Y., Chen, H. 2022. RNA-seq Reveals Transcriptional Differences in Anthocyanin and Vitamin Biosynthetic Pathways Between Black and White Rice. *Gene* 844:146845. DOI: 10.1016/j.gene.2022.146845.
- Zhu, T., Du, M., Chen, H., Li, G., Wang, M., Meng, L. 2024. Recent Insights into Anthocyanin Biosynthesis, Gene Involvement, Distribution Regulation, and Domestication Process in Rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Science* 349:112282. DOI: 10.1016/j.plantsci.2024.112282.