

REGULASI GENETIK PADA PERKEMBANGAN TUMBUHAN

Rifa Dwi Wandari¹, Wan Syafi'i²

¹Magister Pendidikan Biologi, FKIP, Universitas Riau,

²Magister Pendidikan Biologi, FKIP, Universitas Riau,

¹rifa.dwi2877@student.unri.ac.id, ²wan.wsyafii@lecturer.unri.ac.id,

ABSTRACT

Genetic regulation of plant development involves a complex network of transcription factors, microRNAs, epigenetic modifications, and hormonal signals that together determine growth patterns, differentiation, and environmental responses. This review synthesizes findings from five recent (2019–2025) journal articles highlighting roles of key transcription factors, miRNAs, epigenetic mechanisms, and hormonal interplay in controlling root, leaf, and vegetative-to-reproductive transitions. We performed a systematic literature search on databases (PubMed, Web of Science, Google Scholar) using targeted keywords and selected five representative reviews and studies. Results indicate multilayered integration: (1) transcription factors act as central regulatory nodes; (2) miRNAs fine-tune developmental transitions by regulating target transcripts; (3) epigenetic marks set dynamic chromatin states; and (4) hormone crosstalk aligns environmental cues with genetic programs. CRISPR-based genome editing provides tools for functional dissection and crop improvement. In conclusion, an integrative understanding of genetic regulation offers pathways for targeted interventions to develop more adaptive, productive plant varieties.

Keywords: genetic regulation; transcription factors; microRNA; epigenetics; CRISPR

ABSTRAK

Regulasi genetik pada perkembangan tumbuhan melibatkan jaringan kompleks faktor transkripsi, microRNA, modifikasi epigenetik, dan sinyal hormon yang bersama-sama menentukan pola pertumbuhan, diferensiasi, dan respons terhadap lingkungan. Tinjauan ini merangkum temuan utama dari lima artikel ilmiah dalam 5 tahun terakhir yang menyoroti peran faktor transkripsi utama, microRNA, mekanisme epigenetik, serta interaksi hormonal dalam mengatur perkembangan akar, daun, dan fase berpindah dari vegetatif ke reproduktif. Metode tinjauan mengikuti pencarian literatur sistematis pada basis data ilmiah (PubMed, Web of Science, dan Google Scholar) menggunakan kata kunci terkait (mis. "transcription factors plant development", "microRNA plant development", "epigenetic regulation plant development", "hormone crosstalk root development", "CRISPR plant development") dan memfokuskan pada publikasi 2019–2025. Hasil menunjukkan integrasi multi-layer regulasi: (1) faktor transkripsi bertindak sebagai node kunci pengendali jaringan gen; (2) microRNA memodulasi transkrip target untuk transisi perkembangan; (3) modifikasi epigenetik (DNA methylation, histone marks)

menentukan status kromatin yang dinamis; dan (4) crosstalk hormonal menyelaraskan sinyal lingkungan dengan program genetik. Aplikasi teknologi pengeditan genom (mis. CRISPR) membuka jalur manipulasi genetik untuk penelitian fungsional dan perbaikan bibit. Kesimpulannya, pemahaman integratif tentang regulasi genetik membuka peluang untuk intervensi terarah dalam pembangunan varietas tumbuhan yang lebih adaptif dan produktif.

Kata Kunci: regulasi genetik; faktor transkripsi; microRNA; epigenetik; CRISPR

A. Pendahuluan

Perkembangan tumbuhan merupakan rangkaian proses biologis yang berlangsung secara terkoordinasi dan dikendalikan oleh regulasi genetik yang sangat presisi. Setiap tahap perkembangan, mulai dari pembentukan embrio hingga peralihan fase vegetatif ke fase reproduktif, melibatkan pengaturan gen yang dipengaruhi oleh interaksi faktor internal dan sinyal eksternal (Strader *et al.*, 2021). Perkembangan tidak hanya ditentukan oleh instruksi genetik bawaan, tetapi juga oleh respons adaptif terhadap cahaya, gravitasi, ketersediaan air, nutrisi, serta tekanan biotik maupun abiotik (Ma, 2024). Hal ini menunjukkan bahwa tumbuhan memiliki fleksibilitas tinggi dalam menyesuaikan program perkembangan sesuai kondisi lingkungan.

Menurut Strader *et al.* (2021), regulasi genetik pada tingkat molekuler melibatkan beberapa

lapisan pengendali, salah satunya adalah faktor transkripsi yang bertugas mengatur ekspresi gen dengan berikatan pada sekuens DNA tertentu. Faktor transkripsi mengontrol pembentukan organ, diferensiasi sel, dan pola jaringan melalui kerja sama dengan protein regulator serta sinyal hormon yang memodulasi aktivitasnya. Selain faktor transkripsi, lapisan pengendalian lain berasal dari microRNA (miRNA). Menurut Dong (2022), miRNA berfungsi memodulasi kestabilan dan translasi mRNA target, sehingga mampu mengendalikan transisi perkembangan seperti perubahan dari fase juvenil ke fase dewasa, pertumbuhan akar, dan pola percabangan. Melalui mekanisme ini, tumbuhan dapat memberikan respons yang cepat terhadap perubahan lingkungan melalui regulasi post-transkripsi.

Regulasi epigenetik menjadi lapisan penting lainnya dalam mengatur perkembangan. Hemenway

(2023) menjelaskan bahwa metilasi DNA, modifikasi histon, dan mekanisme RNA-directed DNA methylation (RdDM) berperan dalam menentukan keterbukaan kromatin dan mengatur apakah suatu gen dapat diekspresikan. Mekanisme epigenetik ini mempengaruhi pembentukan organ, inisiasi bunga, perkembangan biji, serta diferensiasi jaringan meristem. Perubahan epigenetik juga dapat diwariskan, sehingga respons terhadap lingkungan dapat mempengaruhi generasi berikutnya.

Selain regulasi molekuler tersebut, perkembangan tumbuhan juga sangat dipengaruhi oleh sinyal hormonal. Menurut Ma (2024), interaksi antarhormon seperti auksin, sitokinin, giberelin, etilen, dan brassinosteroid berperan dalam koordinasi antarjaringan selama pertumbuhan akar maupun pembentukan organ lainnya. Crosstalk hormonal ini menghubungkan kondisi lingkungan dengan program regulasi genetik sehingga respons perkembangan menjadi lebih adaptif. Kemajuan teknologi juga memberikan kontribusi signifikan terhadap pemahaman regulasi genetik perkembangan

tumbuhan. Chen (2024) menekankan bahwa teknologi CRISPR/Cas telah menjadi alat penting untuk mempelajari fungsi gen, memodifikasi jalur perkembangan, dan meningkatkan ketahanan serta produktivitas tanaman. Melalui pendekatan ini, peneliti dapat memetakan jaringan regulasi gen secara lebih presisi.

Dengan demikian, interaksi antara faktor transkripsi, miRNA, regulasi epigenetik, dan sinyal hormonal membentuk jaringan pengatur yang kompleks dan saling terhubung. Pemahaman yang komprehensif mengenai interaksi antar-lapisan ini sangat penting dalam pengembangan varietas unggul dan bioteknologi tanaman di masa depan.

B. Metode Penelitian

Tinjauan ini dilakukan melalui pencarian literatur sistematis (September–November 2025) pada basis data ilmiah: PubMed, Web of Science, dan Google Scholar. Kata kunci yang digunakan antara lain: "plant transcription factors review 2019-2025", "microRNA plant development review 2019-2025", "epigenetic regulation plant development 2019-2025", "hormone

crosstalk root development 2019-2025", dan "CRISPR plant development review 2019-2025". Kriteria inklusi: artikel review atau penelitian yang secara jelas membahas mekanisme regulasi genetik pada perkembangan tumbuhan, diterbitkan antara 2019–2025. Dari hasil pencarian diseleksi lima artikel representatif yang mencakup aspek transkripsi, miRNA, epigenetik, interaksi hormonal, dan alat pengeditan genom.

C. Hasil Penelitian dan Pembahasan

Bagian hasil dan pembahasan ini berfokus pada analisis lima jurnal terpilih yang membahas berbagai aspek regulasi genetik dalam perkembangan tumbuhan. Kelima jurnal tersebut dipilih karena memiliki relevansi tinggi terhadap topik serta

mewakili beragam mekanisme molekuler yang berperan dalam menentukan arah pertumbuhan dan diferensiasi sel pada tumbuhan. Masing-masing penelitian memberikan sudut pandang yang berbeda, namun secara keseluruhan membentuk gambaran komprehensif mengenai bagaimana gen dan jaringan regulasinya bekerja secara terkoordinasi untuk mengatur proses perkembangan mulai dari tingkat molekuler hingga fenotip akhir. Setiap jurnal menyoroti mekanisme yang berbeda, mulai dari peran faktor transkripsi, microRNA, epigenetik, hingga interaksi hormonal dan teknologi CRISPR. Untuk memudahkan pemahaman, ringkasan temuan utama dari masing-masing penelitian disajikan pada tabel berikut.

Tabel 1. Ringkasan Hasil Penelitian Terkait Regulasi Genetik pada Perkembangan Tumbuhan

Nama Peneliti	Judul Jurnal	Hasil Utama Penelitian
Strader et al. (2021)	<i>Plant Transcription Factors—Being in the Right Place with the Right Partner</i>	Faktor transkripsi (TF) berperan sebagai pengendali utama jaringan genetik. TF bekerja secara spasial-temporal, berinteraksi dengan protein lain, serta merespons sinyal hormonal untuk mengatur pembentukan akar, daun, dan organ tumbuhan.

(Dong) 2022	<i>microRNAs and Their Roles in Plant Development</i>	microRNA (miRNA) terutama miR156 dan miR172 mengatur transisi juvenil–reproduktif dengan menekan ekspresi target seperti SPL. miRNA berperan dalam pembentukan akar, daun, respon stres, dan diferensiasi jaringan melalui regulasi post- transkripsi.
(Hemenway) 2023	<i>Epigenetic Regulation During Plant Development</i>	Regulasi epigenetik (metilasi DNA, modifikasi histon, RdDM) menentukan status kromatin dan ekspresi gen. Epigenetik memengaruhi perkembangan organ, pembentukan gamet, dan respons lingkungan secara jangka panjang tetapi fleksibel.
(Ma) 2024	<i>Crosstalk Among Plant Hormones Regulates Root Apical Meristem Development</i>	Interaksi hormon (auxin–cytokinin–gibberellin) mengatur pembelahan dan diferensiasi sel di meristem akar. Crosstalk hormonal menyesuaikan aktivitas gen regulator dan faktor transkripsi untuk memodulasi pertumbuhan akar secara adaptif.
(Chen) 2024	<i>Recent Advances of CRISPR-Based Genome Editing for Plant Development Research</i>	CRISPR digunakan untuk memanipulasi gen terkait perkembangan, memungkinkan identifikasi fungsi gen, peningkatan sifat agronomis, dan pemetaan jaringan regulasi.

Berdasarkan lima penelitian yang dikaji, terlihat bahwa regulasi genetik pada perkembangan tumbuhan merupakan proses yang dikendalikan melalui interaksi

berbagai lapisan pengaturan, mulai dari faktor transkripsi, microRNA, mekanisme epigenetik, hormon, hingga teknologi pengeditan genom modern. Setiap penelitian

memberikan fokus yang berbeda, namun saling melengkapi dalam menggambarkan kompleksitas regulasi perkembangan pada tumbuhan.

Strader et al. (2021) menekankan peran faktor transkripsi sebagai pengendali utama jaringan genetik. Faktor transkripsi bekerja dengan cara mengenali sekuens DNA tertentu dan menentukan apakah suatu gen harus diaktifkan atau direpresi. Penelitian ini menegaskan bahwa aktivitas faktor transkripsi bersifat spasial dan temporal, artinya mereka bekerja pada lokasi jaringan tertentu dan pada waktu yang tepat selama perkembangan. Selain itu, faktor transkripsi sering bekerja bersama protein lain, membentuk kompleks pengaturan, dan respons mereka terhadap sinyal hormonal memungkinkan terjadinya koordinasi antara program genetik dan kondisi lingkungan. Hal ini penting untuk memastikan proses seperti pembentukan akar, daun, dan organ lainnya berlangsung tepat sasaran.

Penelitian oleh Dong (2022) memperkuat pemahaman bahwa regulasi perkembangan tidak hanya bergantung pada faktor transkripsi, tetapi juga pada molekul RNA kecil

seperti microRNA (miRNA). miRNA seperti miR156 dan miR172 telah terbukti memegang peran sentral dalam mengatur transisi dari fase juvenil ke fase reproduktif. Dengan menekan ekspresi gen target seperti SPL, miRNA membantu menjaga keseimbangan perkembangan hingga kondisi yang sesuai tercapai. Selain itu, miRNA juga berperan dalam pembentukan akar, pengaturan struktur daun, respons terhadap stres, dan diferensiasi jaringan. Mekanisme regulasi post-transkripsi melalui miRNA memungkinkan tumbuhan merespons perubahan lingkungan dengan cepat dan efisien.

Lapisan regulasi yang lebih dalam dijelaskan oleh Hemenway (2023) melalui mekanisme epigenetik. Metilasi DNA, modifikasi histon, dan mekanisme RNA-directed DNA methylation (RdDM) berperan penting dalam menentukan status keterbukaan kromatin. Jika kromatin berada pada keadaan yang lebih terbuka, gen lebih mudah diekspresikan; sebaliknya, kromatin yang tertutup akan menghambat ekspresi gen. Regulasi epigenetik ini bersifat fleksibel, tetapi juga dapat menetapkan memori

perkembangan atau memori lingkungan jangka panjang sehingga tumbuhan dapat menyesuaikan perkembangan bahkan lintas generasi. Proses seperti pembentukan organ, diferensiasi meristem, hingga pembentukan gamet sangat dipengaruhi oleh dinamika epigenetik ini.

Di sisi lain, penelitian oleh Ma (2024) mengungkapkan bahwa interaksi hormon juga memainkan peran penting dalam mengatur jaringan genetik perkembangan. Hormon seperti auksin, sitokinin, dan giberelin berinteraksi secara sinergis maupun antagonis untuk mengatur pembelahan sel dan diferensiasi pada meristem akar. Crosstalk antarhormon memungkinkan tumbuhan menyeimbangkan pertumbuhan dan respons lingkungan melalui modulasi aktivitas faktor transkripsi dan gen-gen regulator lainnya. Dengan demikian, regulasi hormonal berfungsi sebagai penghubung penting antara kondisi lingkungan dan program perkembangan genetik.

Terakhir, Chen (2024) menyoroti peran teknologi CRISPR dalam memahami dan memodifikasi regulasi genetik perkembangan tumbuhan.

Dengan menggunakan CRISPR, peneliti dapat melakukan pengeditan genom secara tepat untuk mempelajari fungsi gen, memodifikasi jalur perkembangan, dan meningkatkan sifat agronomis seperti ketahanan stres atau kualitas hasil panen. Teknologi ini memungkinkan pemetaan jaringan regulasi gen secara lebih presisi dan mempercepat penelitian dalam biologi perkembangan tumbuhan.

Secara keseluruhan, hasil dari kelima penelitian tersebut menunjukkan bahwa regulasi genetik perkembangan tumbuhan merupakan sistem multi-lapisan yang saling berinteraksi. Faktor transkripsi mengatur ekspresi gen pada tingkat dasar, miRNA menyempurnakan pengaturan melalui kontrol post-transkripsi, epigenetik menentukan status kromatin dan potensi ekspresi jangka panjang, hormon mengoordinasikan respons antarjaringan, dan teknologi pengeditan genom modern memperluas kemampuan peneliti dalam mengungkap mekanisme tersebut. Integrasi dari seluruh lapisan pengaturan ini memungkinkan tumbuhan berkembang secara adaptif

dan responsif terhadap perubahan lingkungan.

D. Kesimpulan

Regulasi genetik pada perkembangan tumbuhan adalah hasil integrasi beberapa mekanisme molekuler: faktor transkripsi, miRNA, epigenetik, dan sinyal hormonal. Kelima studi terbaru (2019–2025) yang direview menunjukkan bahwa memahami interaksi antar-lapisan ini penting untuk memetakan jaringan genetik yang mengatur pembentukan organ, diferensiasi sel, dan transisi fase. Aplikasi teknologi seperti CRISPR memperluas kapasitas penelitian fungsional dan menawarkan jalur menuju manipulasi sifat perkembangan untuk perbaikan tanaman. Penelitian mendatang harus fokus pada pemetaan jaringan regulasi spatio-temporally resolved, analisis multi- omics, dan studi fenotipik di lapangan untuk menerjemahkan temuan molekuler menjadi manfaat agronomis.

DAFTAR PUSTAKA

Dub Strader, L., et al. (2021). Plant transcription factors - being in the right place with the right partner. *Plant Cell and*

Environment. Retrieved from PubMed Central.

Dong, Q. (2022). microRNAs and their roles in plant development. *Frontiers in Plant Science*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.824240>

Hemenway, E. A. (2023). Epigenetic regulation during plant development and the functional consequences. *Annual Review of Plant Biology*, 74, Article. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-070122-025047>

Ma, Y. (2024). Crosstalk among plant hormones regulates root apical meristem development. [Review]. (2024).

Chen, F. (2024). Recent advances of CRISPR-based genome editing for plant development research. *Frontiers in Plant Science*. Retrieved 2024.