

Optimalisasi Bioremediasi Minyak Bumi Menggunakan *Pseudomonas Aeruginosa* Hasil Rekayasa Genetik

Isnada¹, Yusminah Hala²

Universitas Negeri Makassar¹, Universitas Negeri Makassar²

isnadasulaiman1@gmail.com¹, yushala@unm.ac.id²

Corresponding Author: Isnada, E-mail: isnadasulaiman1@gmail.com

ABSTRACT

Petroleum contamination stands as one of the most serious environmental challenges, particularly affecting soil and aquatic ecosystems impacted by oil spills, pipeline leaks, and industrial activities. *Pseudomonas aeruginosa* is recognized as an effective biodegradative bacterium due to its natural ability to produce rhamnolipid biosurfactants and express oxidative enzymes such as alkane monooxygenase (AlkB). In the modern era of biotechnology, the genetic engineering of key genes, including *alkB*, *rhlAB*, and the transcriptional regulator *LcaR*, has opened up opportunities for a significant increase in hydrocarbon degradation. This study conducts a narrative systematic review of Scopus literature to identify the bioremediation mechanisms employed by *P. aeruginosa* and the contribution of genetic engineering toward enhancing hydrocarbon degradation efficiency. The analysis indicates that the bioremediation stages encompass chemotaxis, biosurfactant production, primary oxidation, β -oxidation, biofilm formation, and quorum sensing based molecular regulation. Genetic modifications are proven to enhance the rate of alkane oxidation, strengthen rhamnolipid production, and accelerate the activation of degradation pathways. These findings affirm that engineered *P. aeruginosa*-based strains hold significant potential for application in bioremediation scenarios in Indonesia, especially in regions with extreme conditions such as high salinity, fluctuating pH, or high oil concentrations. The results of this review provide a scientific foundation for the development of engineered microbial bioformulations as a sustainable solution for petroleum contamination management.

KEYWORDS

Bioremediation 1, *Pseudomonas aeruginosa* 2, genetic engineering³, Petroleum 4

ARTICLE DOI:

<https://doi.org/10.53696/venn.v5i2.392>

A. Pendahuluan

Pencemaran lingkungan oleh limbah minyak bumi dan hidrokarbon alifatik maupun aromatik merupakan salah satu tantangan utama bagi keberlanjutan ekosistem darat dan perairan. Tumpahan minyak, kebocoran pipa, aktivitas industri/perkebunan yang menghasilkan residu minyak dan pelumas, serta pembuangan limbah secara tidak terkendali menyebabkan akumulasi senyawa toksik seperti alkana, senyawa aromatik polisiklik dan derivat lainnya yang sulit terdegradasi secara alami. Hal ini berdampak serius terhadap kualitas tanah, air, biota, serta kesehatan manusia dan makhluk hidup lainnya.

Di tingkat global, meskipun frekuensi tumpahan minyak besar dari kapal tanker menurun drastis sejak akhir abad ke-20, jumlah kejadian masih menunjukkan fluktuasi tahunan dan beberapa insiden besar tetap menyumbang sebagian besar volume minyak yang hilang ke lingkungan misalnya, ITOPF melaporkan bahwa pada 2023 tercatat 10 kejadian tumpahan >7 ton dengan total ~2.000 ton minyak hilang, dan data dekade-terkini menunjukkan puluhan insiden besar yang bertanggung jawab atas sebagian besar jumlah minyak yang tumpah selama 2020-an (ITOPF, 2023).

Metode konvensional untuk penanganan tumpahan minyak seperti pembakaran (burning), penyekatan (booming), dan penyedotan (skimming) memiliki keterbatasan karena biaya tinggi, tidak efisien untuk volume besar, serta dapat menimbulkan dampak sekunder terhadap lingkungan. Alternatif yang lebih ramah lingkungan adalah bioremediasi, yaitu pemanfaatan mikroorganisme

untuk menguraikan senyawa hidrokarbon kompleks menjadi senyawa yang lebih sederhana dan tidak beracun ([Mekonnen et al., 2024](#)).

Salah satu mikroorganisme yang paling potensial dalam proses ini adalah *Pseudomonas aeruginosa*. Bakteri ini dikenal memiliki kemampuan alami untuk memproduksi biosurfaktan rhamnolipid, yang berfungsi meningkatkan kelarutan hidrokarbon dan mempercepat proses degradasi minyak bumi ([Zhang et al., 2005](#)). Studi-studi terkini menunjukkan bahwa *P. aeruginosa* mampu mendegradasi berbagai jenis hidrokarbon seperti alkana, aromatik, dan senyawa kompleks lainnya baik secara tunggal maupun dalam sistem kultur ([Wu et al., 2023](#)). Penelitian oleh ([Libisch, 2024a](#)) menegaskan bahwa *P. aeruginosa* memiliki kemampuan genetik alami untuk mengasimilasi n-alkana dan menyesuaikan diri dengan mikrobioma tanah yang terpapar minyak.

Namun demikian, bioremediasi alami sering kali terhambat oleh keterbatasan ekspresi gen biosurfaktan, kondisi lingkungan yang tidak optimal, serta kompetisi antar mikroba. Untuk mengatasi hal ini, pendekatan rekayasa genetik (GMO) mulai dikembangkan untuk meningkatkan efisiensi degradasi hidrokarbon menunjukkan bahwa rekayasa genetik pada strain *Pseudomonas* dapat meningkatkan ekspresi enzim kunci seperti alkane hydroxylase dan cytochrome P450, sehingga mempercepat degradasi hidrokarbon dan meningkatkan adaptabilitas terhadap konsentrasi minyak tinggi ([Bioengineering et al., 2023](#)).

Sejalan dengan temuan tersebut, penelitian oleh ([Hemamali et al., 2022b](#)) menunjukkan bahwa regulator genetik LcaR pada *Pseudomonas aeruginosa* berperan penting sebagai pengendali ekspresi gen degradasi alkana. Modifikasi regulator ini memungkinkan peningkatan aktivitas enzimatis yang signifikan dalam sistem bioteknologi rekombinan, menjadikan *P. aeruginosa* kandidat unggul untuk bioengineering pada aplikasi bioremediasi hidrokarbon kompleks. Selain itu, ([Zhao et al., 2021](#)) dalam *Bioresource Technology* menjelaskan jalur regulasi biosurfaktan pada *P. aeruginosa* yang dapat dimodifikasi secara molekuler untuk mengoptimalkan produksi rhamnolipid di bawah kondisi stres lingkungan, memperkuat efisiensi proses bioremediasi.

Dengan pendekatan rekayasa ini, *P. aeruginosa* dapat dioptimalkan agar lebih adaptif terhadap kondisi lingkungan ekstrem dan konsentrasi minyak tinggi. Selain itu, penelitian oleh ([Faisal et al., 2025](#)) menunjukkan bahwa kombinasi *P. aeruginosa* dengan mikroorganisme tanah lain seperti *Bacillus* dapat meningkatkan kecepatan degradasi minyak bumi hingga lebih dari 70% dalam periode 10 hari. Hasil ini membuktikan potensi besar penggunaan GMO atau sistem mikroba campuran untuk meningkatkan performa bioremediasi minyak bumi di lingkungan nyata.

Dengan demikian, optimalisasi bioremediasi minyak bumi menggunakan *Pseudomonas aeruginosa* yang dimodifikasi secara genetik menjadi penting untuk menjawab tantangan efisiensi dan keberlanjutan dalam pemulihan ekosistem tercemar. Pendekatan ini tidak hanya berpotensi meningkatkan kecepatan degradasi, tetapi juga dapat menjadi solusi ramah lingkungan yang relevan bagi kondisi tanah tercemar di Indonesia.

B. Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan pendekatan tinjauan sistematis naratif untuk menganalisis mekanisme bioremediasi minyak bumi oleh *Pseudomonas aeruginosa* serta mengevaluasi kontribusi rekayasa genetik pada gen kunci (alkB, rhlAB, dan LcaR) dalam meningkatkan kemampuan degradasinya. Desain penelitian disusun mengacu pada pedoman PRISMA 2020 guna menjamin transparansi, reproduibilitas, dan kualitas analisis literatur. Tinjauan ini berfokus pada aspek molekuler, enzimatis, dan bioteknologi yang relevan untuk aplikasi bioremediasi pada konteks lingkungan Indonesia.

Pencarian literatur dilakukan pada melalui basis data:

- (1) Scopus
- (2) Web of Science (WoS)
- (3) PubMed/NCBI
- (4) ScienceDirect
- (5) SpringerLink
- (6) MDPI Open Access

Kata kunci dikembangkan menggunakan:

Pseudomonas aeruginosa, bioremediasi, degradasi hidrokarbon, dan alkB, rhlAB, LcaR, genetic engineering, engineered strains, biosurfactant, rhamnolipid, alkane monooxygenase, petroleum contamination, synthetic biology, dan hydrocarbon degradation.

Kriteria inklusi:

1. Terindeks Scopus (Q1–Q4),
2. Membahas degradasi hidrokarbon atau rekayasa genetik *P. aeruginosa*,
3. Tersedia dalam bahasa Inggris atau Indonesia,
4. Full text dapat diakses.

Kriteria eksklusi:

1. Studi klinis mengenai patogenisitas yang tidak terkait lingkungan,
2. Review tanpa data mekanistik,
3. Artikel duplikat atau tanpa data lengkap.

Prosedur seleksi studi

Seleksi artikel dilakukan dalam tiga tahap:

1. Screening
Studi yang tidak relevan dengan bioremediasi hidrokarbon dikeluarkan.
2. Kelayakan
Dari hasil telaah full-text, 62 artikel memenuhi seluruh kriteria inklusi. Artikel tersebut memberikan data mengenai:
 - (1) aktivitas degradasi hidrokarbon oleh *P. aeruginosa*,
 - (2) jalur biosurfaktan rhlAB,
 - (3) karakterisasi enzim alkB,
 - (4) regulasi oleh LcaR,
 - (5) teknologi rekayasa genetik yang relevan.

Teknik Ekstraksi Data

Data dari artikel yang memenuhi syarat diekstraksi menggunakan matriks parameter berikut:

- (1) Strain mikroba yang digunakan
- (2) Jenis hidrokarbon yang didegradasi
- (3) Gen target (alkB, rhlAB, LcaR) dan teknik rekayasa
- (4) Aktivitas enzim (monooxygenase, dehidrogenase)
- (5) Kondisi lingkungan (suhu, salinitas, pH, nutrisi)
- (6) Efisiensi degradasi (%) dan laju reaksi
- (7) Pembentukan biofilm dan interaksi konsorsium
- (8) Perbandingan strain liar vs. strain rekayasa

Analisis dilakukan secara kualitatif dengan memetakan:

1. jalur degradasi *P. aeruginosa* (chemotaxis → biosurfaktan → oksidasi → β -oksidasi → mineralisasi),
2. inovasi rekayasa genetik,

3. perbaikan efisiensi bioremediasi,
4. relevansi aplikasi untuk kondisi lingkungan Indonesia.

C. Hasil Penelitian dan Pembahasan

1. Peranan *Pseudomonas aeruginosa* dalam Bioremediasi

Pada konteks bioremediasi, *P. aeruginosa* memegang peranan penting sebagai agen degradasi hidrokarbon. Kemampuannya untuk menghasilkan biosurfaktan mempercepat pemecahan minyak bumi melalui peningkatan kontak antara enzim dan substrat minyak ([Mekonnen et al., 2024](#)). Studi oleh ([Wu et al., 2023](#)) menunjukkan bahwa konsorsium *Pseudomonas Aeruginosa* dan *Bacillus subtilis* mampu mendegradasi minyak mentah hingga 70% dalam waktu 10 hari, membuktikan efektivitas mikroorganisme ini dalam aplikasi bioteknologi lingkungan.

Bioremediasi minyak bumi oleh *Pseudomonas aeruginosa* melibatkan empat tahap biologis utama, Setiap tahap memiliki peran spesifik dalam memastikan bahwa bakteri dapat mengenali, mendekati, menempel, dan akhirnya menguraikan senyawa hidrokarbon menjadi senyawa yang lebih sederhana dan tidak beracun. Tahap-tahap ini berlangsung secara berurutan dan saling berinteraksi, yaitu:

Tahap 1. Deteksi dan Orientasi Menuju Hidrokarbon (Chemotaxis & Adhesi Awal)

Pada fase awal, sel *P. aeruginosa* merespons keberadaan hidrokarbon melalui mekanisme kemotaksis yang memandu pergerakan menuju area dengan konsentrasi substrat lebih tinggi. Adhesi awal ke antarmuka air–minyak terjadi melalui interaksi permukaan sel dan eksopolisakarida, memungkinkan sel menempel dan memulai kontak dengan substrat hidrofobik. Adhesi awal ke antarmuka difasilitasi oleh sifat permukaan sel dan eksopolisakarida sehingga memperbesar peluang kontak enzimatik dengan substrat hidrofobik. Proses orientasi ini menjadi dasar agar degradasi dapat berlangsung secara efisien ([Murphy et al., 2022](#))

Tahap 2. Peningkatan Bioavailabilitas Hidrokarbon melalui Produksi Biosurfaktan (Rhamnolipid)

Setelah kontak awal terbentuk, *P. aeruginosa* mengaktifkan operon rhlAB untuk mensintesis rhamnolipid, yaitu biosurfaktan yang menurunkan tegangan permukaan dan menyebabkan terbentuknya emulsifikasi. Emulsi ini membuat hidrokarbon yang sangat hidrofobik dan meningkatkan kelarutan dan ketersediaan hidrokarbon menjadi lebih mudah diakses oleh enzim degradasi. Pada tahap ini, rhamnolipid berfungsi sebagai fasilitator utama peningkatan kelarutan dan bioavailabilitas hidrokarbon ([Wittgens & Rosenau, 2020](#)).

Tahap 3. Inisiasi Degradasi Oksidasi Primer oleh Alkane Monooxygenase (AlkB)

Tahap inti merupakan langkah kunci inisiasi adalah hidroksilasi rantai alkana yang dikatalisis oleh **AlkB** dimulai dengan aktivitas enzim AlkB, yang mengkatalisis hidroksilasi terminal pada rantai n-alkan. Reaksi ini mengubah alkana → alkohol primer sebagai langkah pembuka degradasi. Variasi Isoform berbeda seperti alkB1 dan alkB2 dan akuisisi cluster homolog memperluas rentang panjang rantai karbon yang dapat digunakan oleh sel *P. aeruginosa* mendegradasi rentang panjang hidrokarbon yang lebih luas. Pada kondisi kaya hidrokarbon, ekspresi alkB biasanya meningkat untuk mempercepat laju oksidasi ([Guo et al., 2023](#))

Tahap 4. Transformasi Molekuler Bertahap (Alcohol → Aldehyde → Asam Lemak → β -Oksidasi → TCA)

Produk alkohol dari aktivitas AlkB selanjutnya dioksidasi oleh alkohol dehydrogenase menjadi aldehid, kemudian oleh aldehyde dehydrogenase menjadi asam karboksilat. Asam lemak ini masuk

ke jalur β oksidasi, menghasilkan asetil CoA. Asetil CoA masuk ke siklus TCA, memungkinkan terjadinya mineralisasi akhir menjadi CO₂ dan H₂O atau dialihkan menjadi biomassa seluler. Kecepatan dan kelengkapan mineralisasi bergantung kepada ketersediaan oksigen, kofaktor redoks, dan kondisi lingkungan. Tahap ini merupakan fase metabolik yang menentukan efisiensi degradasi total ([Pandolfo et al., 2023](#)).

Tahap 5. Pembentukan Biofilm dan Interaksi Konsorsial

Untuk mempertahankan stabilitas degradasi, *P. aeruginosa* membentuk biofilm yang meningkatkan retensi sel pada antarmuka hidrokarbon dan memberikan perlindungan dari stres lingkungan (pH, salinitas, toksisitas). Dalam banyak kasus, *P. aeruginosa* bekerja secara sinergis dengan bakteri lain (misalnya *Rhodococcus*, *Acinetobacter*, atau *Pseudomonas putida*). Pembentukan konsorsium ini memungkinkan pembagian tugas metabolik (mis. satu anggota mengoksidasi, anggota lain memineralisasi produk-antara), sehingga peningkatan jangkauan substrat dan stabilitas degradasi di kondisi lapang dan memperluas spektrum senyawa yang dapat didegradasi, baik alifatik maupun aromatik ([Pandolfo et al., 2023](#)).

Tahap 6. Regulasi Molekuler dan Penyesuaian Ekspresi Gen (LcaR & Quorum Sensing)

Proses bioremediasi dikendalikan oleh jaringan regulasi kompleks. Ekspresi gen-gen degradasi termasuk *alkB* dan *rhlAB* diatur oleh regulator lokal seperti *LcaR* serta sistem regulasi global (quorum sensing: *Las/Rhl*) yang menyelaraskan produksi biosurfaktan, enzim oksidatif, dan pembentukan biofilm. Regulator seperti *LcaR* mengatur ekspresi gen alkana (*alkB* dan enzim pendukung), sementara sistem quorum sensing (*Las*, *Rhl*) mengendalikan produksi rhamnolipid, pembentukan biofilm, dan penyesuaian fisiologis lainnya. Modifikasi regulator ini (alami ataupun hasil rekayasa) dapat mengubah ambang respon sehingga jalur degradasi diaktifkan lebih cepat atau lebih efisien pada kondisi paparan hidrokarbon. Regulasi ini memastikan bahwa jalur degradasi diaktifkan hanya saat dibutuhkan dan memungkinkan bakteri beradaptasi dengan kondisi lingkungan yang berubah ([Hemamali et al., 2022b](#)).

2. Peran Gen Kunci (Alkb, Rhlab, Dan Regulator Lcar) Untuk Meningkatkan Kemampuan *Pseudomonas Aeruginosa* Dalam Mendegradasi Hidrokarbon

Mikroorganisme pengurai, khususnya bakteri *Pseudomonas sp.*, memainkan peran kunci dalam bioremediasi karena kemampuan metabolik mereka untuk mengoksidasi dan mengasimilasi berbagai senyawa hidrokarbon. Pada *Pseudomonas aeruginosa*, langkah awal oksidasi alkana dimediasi terutama oleh keluarga enzim alkane monooxygenase yang dikodekan oleh gen *alkB* (dan homolognya), sedangkan produksi biosurfaktan seperti rhamnolipid yang meningkatkan ketersediaan hidrokarbon melalui emulsi bergantung pada operon *rhlAB*. Selain itu, regulasi transkripsional gen-gen degradasi alkana oleh regulator khusus (mis. *LcaR*) menentukan respons adaptif sel terhadap keberadaan alkana dan memengaruhi ekspresi enzim-enzim kunci ([Guo et al., 2023](#)). Berikut peran gen kunci *Alkb*, *Rhlab*, Dan Regulator *Lcar*

alkB (alkane monooxygenase)

- 1) Peran: *alkB* mengkode enzim alkane monooxygenase (*AlkB*) yang melakukan hidroksilasi terminal n-alkan (langkah inisiasi pada degradasi alkana). Variasi isoform (*alkB1/alkB2*) memperluas rentang substrat ([Libisch, 2024b](#))
- 2) Strategi rekayasa:
 - (1) Over-ekspresi *alkB* (dengan promoter kuat atau multi-copy plasmid) untuk meningkatkan laju oksidasi alkana.

- (2) Heterologous expression/komplementasi: masukkan cluster alkane hydroxylase dari strain lain (misal. GPo1-like alk gene cluster) untuk memperluas panjang rantai alkana yang didegradasi ([Libisch, 2024](#))
- (3) Protein engineering pada AlkB (mutasi residu aktif atau rekayasa stabilitas) untuk meningkatkan aktivitas/afinitas terhadap substrat spesifik atau kondisi lingkungan ekstrem ([Guo et al., 2023](#))

rhlAB (biosintesis rhamnolipid)

- 1) Peran: rhlA dan rhlB terlibat sintesis rhamnolipid (biosurfaktan) yang meningkatkan bioavailabilitas hidrokarbon dengan menurunkan tegangan permukaan dan membentuk emulsi, sehingga substrat hidrokarbon lebih mudah diakses enzim degradasi ([Qin et al., 2022](#))
- 2) Strategi rekayasa:
 - (1) Meningkatkan copy-number atau mengganti promoter rhlAB untuk hipereksresi rhamnolipid (meningkatkan produksi biosurfaktan → percepatan degradasi) ([Libisch, 2024a](#))
 - (2) Transfer jalur rhl ke host aman (mis. *P. putida*) untuk produksi rhamnolipid tanpa risiko patogenisitas *P. aeruginosa* saat aplikasi lapangan ([Guo et al., 2023](#)).
 - (3) Optimasi metabolik (redirect precursor karbon/donor gula) agar lebih banyak flux menuju rhamnolipid tanpa mengorbankan pertumbuhan.

LcaR (regulator transkripsional untuk degradasi alkana)

- 1) Peran: LcaR adalah regulator yang mengontrol gen-gen jalur degradasi alkana memodulasi respon transkriptom terhadap alkana sehingga menyalakan/menyelaraskan ekspresi alkB dan enzim terkait ([Hemamali et al., 2022](#)).
- 2) Strategi rekayasa:
 - (1) Modifikasi LcaR adalah untuk menurunkan ambang induksi sehingga jalur degradasi aktif lebih cepat saat paparan hidrokarbon.
 - (2) Designer promoters / synthetic regulators: gantikan kontrol natif dengan sirkuit terpadu (inducible atau biosensor-driven) agar pada ekspresi jalur degradasi dioptimalkan, dan hanya saat diperlukan. Hal ini bertujuan untuk mengurangi beban metabolik ([Hemamali et al., 2022b](#)).

D. Kesimpulan

1. *Pseudomonas aeruginosa* memiliki mekanisme bioremediasi yang kompleks dan efisien, meliputi kemotaksis menuju hidrokarbon, produksi rhamnolipid untuk meningkatkan bioavailabilitas, oksidasi primer oleh AlkB, transformasi metabolik hingga pada mineralisasi, serta pembentukan biofilm untuk stabilitas dalam lingkungan ekstrem. Mekanisme ini menjadikan *P. aeruginosa* sebagai agen biodegradasi yang unggul.
2. Rekayasa genetik terhadap gen alkB, rhlAB, dan LcaR secara nyata meningkatkan kemampuan degradasi hidrokarbon.
 - (1) *Overexpression* alkB adalah untuk meningkatkan laju oksidasi alkana dan memperluas rentang rantai karbon substrat yang dapat didegradasi.
 - (2) Modifikasi rhlAB adalah untuk meningkatkan produksi rhamnolipid, sehingga mempercepat emulsifikasi minyak dan memperbesar akses enzim terhadap hidrokarbon.

Regulasi ulang LcaR menurunkan ambang aktivasi jalur degradasi, memungkinkan respons lebih cepat terhadap paparan hidrokarbon.

Semua strategi ini terbukti meningkatkan efisiensi bioremediasi baik in vitro maupun di lingkungan nyata.

Daftar Pustaka

- Azad, M. A. K., Amin, L., & Sidik, N. M. (2014). Genetically engineered organisms for bioremediation of pollutants in contaminated sites. *Chinese Science Bulletin*, 59(8), 703–714. <https://doi.org/10.1007/s11434-013-0058-8>
- Bioengineering, Y., Wang, H., Miran, W., Wang, M., Ding, M., & Yuan, Y. (2023). *Citation: bioengineering Bioengineering for the Microbial Degradation of Petroleum Hydrocarbon Contaminants*. <https://doi.org/10.3390/bioengineering>
- Davison, J., & Ammann, K. (2017). New GMO regulations for old: Determining a new future for EU crop biotechnology. In *GM Crops and Food* (Vol. 8, Issue 1, pp. 13–34). Taylor and Francis Ltd. <https://doi.org/10.1080/21645698.2017.1289305>
- Faisal, Z. G., Mahmoud, H. M., Jameel, M. M., & Abdullah, O. A. (2025). Evaluation of Black Oil Biodegradation by a Consortium of Indigenous *Bacillus cereus* and *Pseudomonas aeruginosa*. *Nature Environment and Pollution Technology*, 24(3). <https://doi.org/10.46488/NEPT.2025.v24i03.D1739>
- Guo, X., Zhang, J., Han, L., Lee, J., Williams, S. C., Forsberg, A., Xu, Y., Austin, R. N., & Feng, L. (2023). Structure and mechanism of the alkane-oxidizing enzyme AlkB. *Nature Communications*, 14(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37869-z>
- Hemamali, E. H., Weerasinghe, L. P., Tanaka, H., Kurisu, G., & Perera, I. C. (2022a). LcaR: a regulatory switch from *Pseudomonas aeruginosa* for bioengineering alkane degrading bacteria. *Biodegradation*, 33(2), 117–133. <https://doi.org/10.1007/s10532-021-09970-x>
- Hemamali, E. H., Weerasinghe, L. P., Tanaka, H., Kurisu, G., & Perera, I. C. (2022b). LcaR: a regulatory switch from *Pseudomonas aeruginosa* for bioengineering alkane degrading bacteria. *Biodegradation*, 33(2), 117–133. <https://doi.org/10.1007/s10532-021-09970-x>
- Jurado-Martín, I., Sainz-Mejías, M., & McClean, S. (2021). *Pseudomonas aeruginosa*: An audacious pathogen with an adaptable arsenal of virulence factors. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(6), 1–37. <https://doi.org/10.3390/ijms22063128>
- Libisch, B. (2024a). N-Alkane Assimilation by *Pseudomonas aeruginosa* and Its Interactions with Virulence and Antibiotic Resistance. In *Antibiotics* (Vol. 13, Issue 11). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). <https://doi.org/10.3390/antibiotics13111028>
- Libisch, B. (2024b). N-Alkane Assimilation by *Pseudomonas aeruginosa* and Its Interactions with Virulence and Antibiotic Resistance. *Antibiotics*, 13(11). <https://doi.org/10.3390/antibiotics13111028>
- Mekonnen, B. A., Aragaw, T. A., & Genet, M. B. (2024). Bioremediation of petroleum hydrocarbon contaminated soil: a review on principles, degradation mechanisms, and advancements. In *Frontiers in Environmental Science* (Vol. 12). Frontiers Media SA. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2024.1354422>

- Minhas, W. R., Saleemi, H., Raheem, M. F., Khalid, S. S., Aslam, H., & Ahmad, W. (2024). Crispr-Engineered Microbes For Enhanced Biodegradation Of Recalcitrant Pollutants A Genomic Approach To Environmental Remediation. *Frontiers in Health Informatics*, November, 8281–8304. <https://doi.org/10.63682/fhi787>
- Moradali, M. F., Ghods, S., & Rehm, B. H. A. (2017). Pseudomonas aeruginosa lifestyle: A paradigm for adaptation, survival, and persistence. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 7(FEB). <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00039>
- Murphy, C. W. M., Davis, G. B., Rayner, J. L., Walsh, T., Bastow, T. P., Butler, A. P., Puzon, G. J., & Morgan, M. J. (2022). The role of predicted chemotactic and hydrocarbon degrading taxa in natural source zone depletion at a legacy petroleum hydrocarbon site. *Journal of Hazardous Materials*, 430, 128482. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.128482>
- Pandolfo, E., Barra Caracciolo, A., & Rolando, L. (2023). Recent Advances in Bacterial Degradation of Hydrocarbons. *Water (Switzerland)*, 15(2). <https://doi.org/10.3390/w15020375>
- Pang, Z., Raudonis, R., Glick, B. R., Lin, T. J., & Cheng, Z. (2019). Antibiotic resistance in Pseudomonas aeruginosa: mechanisms and alternative therapeutic strategies. *Biotechnology Advances*, 37(1), 177–192. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2018.11.013>
- Qin, R., Xu, T., & Jia, X. (2022). Engineering Pseudomonas putida To Produce Rhamnolipid Biosurfactants for Promoting Phenanthrene Biodegradation by a Two-Species Microbial Consortium . *Microbiology Spectrum*, 10(4). <https://doi.org/10.1128/spectrum.00910-22>
- Rutherford, S. T., & Bassler, B. L. (2012). Bacterial quorum sensing: Its role in virulence and possibilities for its control. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, 2(11), 1–25. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a012427>
- Sayed, K., Baloo, L., & Sharma, N. K. (2021). Bioremediation of total petroleum hydrocarbons (Tph) by bioaugmentation and biostimulation in water with floating oil spill containment booms as bioreactor basin. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(5), 1–27. <https://doi.org/10.3390/ijerph18052226>
- Stover, C. K., Pham, X. Q., Erwin, A. L., Mizoguchi, S. D., Warrenner, P., Hickey, M. J., Brinkman, F. S. L., Hufnagle, W. O., Kowallk, D. J., Lagrou, M., Garber, R. L., Goltry, L., Tolentino, E., Westbrook-Wadman, S., Yuan, Y., Brody, L. L., Coulter, S. N., Folger, K. R., Kas, A., ... Olson, M. V. (2000). Complete genome sequence of Pseudomonas aeruginosa PAO1, an opportunistic pathogen. *Nature*, 406(6799), 959–964. <https://doi.org/10.1038/35023079>
- Truskewycz, A., Gundry, T. D., Khudur, L. S., Kolobaric, A., Taha, M., Aburto-Medina, A., Ball, A. S., & Shahsavari, E. (2019). Petroleum hydrocarbon contamination in terrestrial ecosystems—fate and microbial responses. *Molecules*, 24(18), 1–20. <https://doi.org/10.3390/molecules24183400>
- Wittgens, A., & Rosenau, F. (2020). Heterologous Rhamnolipid Biosynthesis: Advantages, Challenges, and the Opportunity to Produce Tailor-Made Rhamnolipids. *Frontiers in*

Bioengineering and Biotechnology, 8(October), 1–11.
<https://doi.org/10.3389/fbioe.2020.594010>

- Wu, B., Xiu, J., Yu, L., Huang, L., Yi, L., & Ma, Y. (2023). Degradation of crude oil in a co-culture system of *Bacillus subtilis* and *Pseudomonas aeruginosa*. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1132831>
- Zhang, G. L., Wu, Y. T., Qian, X. P., & Meng, Q. (2005). Biodegradation of crude oil by *Pseudomonas aeruginosa* in the presence of rhamnolipids. *Journal of Zhejiang University: Science*, 6 B(8), 725–730. <https://doi.org/10.1631/jzus.2005.B0725>
- Zhao, F., Wang, Q., Zhang, Y., & Lei, L. (2021). Anaerobic biosynthesis of rhamnolipids by *Pseudomonas aeruginosa*: performance, mechanism and its application potential for enhanced oil recovery. *Microbial Cell Factories*, 20(1). <https://doi.org/10.1186/s12934-021-01593-4>
- Zhou, Z., Liu, Y., Zhanaroli, G., Wang, Z., Xu, P., & Tang, H. (2019). Enhancing Bioremediation Potential of *Pseudomonas putida* by Developing Its Acid Stress Tolerance With Glutamate Decarboxylase Dependent System and Global Regulator of Extreme Radiation Resistance. *Frontiers in Microbiology*, 10(September), 1–8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02033>