

## BAB I. PENDAHULUAN UMUM

\*) Artikel telah diterima pada Journal of Global Innovation in Agricultural Science (2025), Society for Innovative Agriculture University of Agriculture Faisalabad, Pakistan (terindex Scopus Quartil 3/Q3)

### 1.1. Latar Belakang

Penyakit bulai atau embun bulu disebabkan oleh patogen obligat dari family Peronosporaceae (kelas Oomycetes) (Crouch et al., 2022) yang menimbulkan dampak ekonomi secara signifikan terhadap tanaman budidaya komersial dan tanaman ornamental. Oomycetes ini memiliki kisaran inang pada famili Poaceae, Cucurbitaceae, Vitaceae dan lainnya (Nandhini et al., 2018; Tör et al., 2023).

Tingkat kerugian penyakit bulai pada beberapa tanaman inang seperti tanaman jagung (*Zea mays*), jawawut (*Pennisetum glaucum*), sorghum (*Sorghum* spp.), dan tebu (*Saccharum* spp.) antara 60–100 % (Crouch et al., 2022) dan 40–100 % pada tanaman jagung di Indonesia (Bani et al., 2017; Crouch et al., 2022; Daryono et al., 2018; Ginting et al., 2020; Lukman et al., 2016; Pudjiwati et al., 2013)

Penyebab penyakit bulai pada tanaman jagung adalah *Peronosclerospora maydis* (Racib.) C.G. Shaw, *P. philipinensis* (W. Weston) C.G. Shaw, *P. sorghi* (W. Weston & Uppal) C.G. Shaw, *Sclerophthora zeae* J.A. Crouch & Thines, sp. nov., *S. graminicola* (Sacc.) J. Schröt., *P. eriochloae* Ryley & Langdon, *P. heteropogonis* J.A. Crouch sp. nov., *P. sacchari* (T. Miyake) Shirai & Hara, *P. spontanea* (W. Weston) C.G. Shaw (Crouch et al., 2022). Di Indonesia penyakit bulai disebabkan oleh 3 spesies yaitu *P. maydis* (Racib.) C.G. Shaw, *P. philipinensis* (W. Weston) C. G. Shaw, dan *P. sorghi* (W. Weston & Uppal) C.G. Shaw (Djaenuddin et al., 2021, 2025; Hikmahwati et al., 2011; Muis. et al., 2018; Muis et al., 2013).

Gejala penyakit bulai memperlihatkan adanya cendawan berbulu halus pada permukaan daun; terdapat gejala klorosis pada daun; infeksi dini menyebabkan kematian bibit; tanaman kerdil atau mengalami deformasi; dan berkurangnya biji. Infeksi oleh *P. maydis* dapat menyebabkan kematian pada varietas jagung yang rentan, malformasi pada bunga, dan sterilitas biji (Crouch et al., 2022), pada tanaman dan biji yang terlihat tanpa gejala dijumpai adanya spora pada permukaan tanaman dan biji (Lukman et al., 2016).

Infeksi primer diawali oleh oospora yang terbentuk secara seksual melalui fusi oogonium dan antheridium pada jaringan daun inang. Oospora ini merupakan sumber inokulum untuk infeksi primer. Oospora berkecambah membentuk makrosporangium yang melepaskan zoospora motil. Zoospora tersebut menyebar melalui percikan air hujan atau irigasi dan menginfeksi jaringan tanaman, termasuk daun, bunga, dan buah muda, terutama melalui stomata (Rossi et al., 2008; Wu et al., 2010). Setelah infeksi primer berhasil terjadi, patogen memasuki fase epidemi sekunder yang ditandai oleh produksi sporangium secara aseksual. Sporangium yang mengandung oospora (Govers, 2024) dilepaskan dari jaringan terinfeksi dan disebarkan dengan cepat oleh angin dan percikan air hujan, sehingga memicu pembentukan infeksi baru di dalam tanaman (Govers, 2024; Mishra et al., 2024).

Sumber inokulum berupa oospora dapat bertahan pada sisa pertanaman sakit sebelumnya baik yang berada pada permukaan atau terbenam di dalam tanah, dan mampu bertahan selama 3 hingga 5 tahun dan berperan sebagai sumber inokulum primer bagi terjadinya infeksi pada musim tanam berikutnya (Caboni & Cabras, 2010; Mishra et al., 2024; Muimba-Kankolongo, 2018; Singh et al., 2025; Wu et al., 2010). Beberapa patogen embun bulu juga mampu ditularkan melalui benih terinfeksi. Fenomena penularan melalui benih telah dilaporkan pada beberapa tanaman inang, seperti opium poppy (*Papaver somniferum*) dan kubis (Muimba-Kankolongo, 2018; Thangavel et al., 2020).

Dari sudut pandang epidemiologi, risiko perkembangan penyakit ditentukan oleh interaksi antara sumber inokulum, kondisi iklim dan lingkungan yang mendukung infeksi. Kondisi optimum munculnya infeksi pada kisaran suhu 8–32 °C (optimum sekitar 24 °C) dan dengan kelembapan relatif 85% apabila permukaan daun atau tandan basah akibat curah hujan  $\geq 1$  mm per hari atau pembentukan embun yang intens. Namun demikian, hubungan antara air dan infeksi bersifat nonlinier; meskipun air bebas diperlukan untuk pelepasan zoospora dan inisiasi infeksi, keberadaan air yang berlebihan dapat menurunkan efisiensi infeksi melalui pembilasan sporangium dari permukaan tanaman (Allaman et al., 2026).

Saat ini penyakit tersebut dikendalikan dengan menggunakan fungisida sintetik spesifik Oomycetes dengan bahan aktif cymoxanil, fluopicolide, propamocarb, oxathiapiprolin dan chlorothalonil (Keinath & de Figueiredo Silva, 2022), azoxystrobin, kresoxim-methyl, dan trifloxystrobin (Sudisha et al., 2005), namun menyebabkan timbulnya resistensi, biaya yang lebih tinggi, memberi efek negatif pada kualitas tanah dan air, sehingga diperlukan alternatif pengendalian untuk memperoleh peningkatan produksi tanaman berkelanjutan.

Pengendalian lainnya untuk penyakit bulai dilakukan dengan pemanfaatan senyawa tertentu seperti Kaolin 3% (80.1%) (Rashad et al., 2023), L-1 exogenous dopamin (Ji et al., 2022); pemanfaatan strategi terintegrasi beberapa model kultur teknis seperti penggunaan varietas tahan (Kim et al., 2020) dan rotasi tanaman, menggunakan biopestisida, menggunakan elisitor (silikon, chitosan) (Nandeeshkumar et al., 2008); perlakuan dengan antitranspiran seperti magnesium karbonat ( $MgCO_3$ ) (El-Sharkawy et al., 2022); menggunakan uji sporangisidal dengan nanopartikel seng oksida  $ZnO$  NP (35%) (Nandhini et al., 2019); pemanfaatan di-potassium hidrogen fosfat, 2,3,5 Tri-iodo asam benzoat, asam fosforus (Chaluvvaraju et al., 2004). Namun, masih diperlukan pendekatan lain yang lebih efektif dan berkelanjutan.

Alternatif pengendalian lain adalah dengan pemanfaatan agensia hayati dari mikroorganisme yang ada pada rizosfer tanaman. Rizosfer adalah daerah di sekitar perakaran tanaman, di mana terdapat interaksi antara tanaman dengan mikroorganisme. Tanaman mengeluarkan eksudat akar yang merupakan nutrisi bagi mikroba, sehingga mikroba akan mendekat pada perakaran tanaman (Alawiye & Babalola, 2019). Nutrisi dan zat organik yang diproduksi oleh tanaman diantaranya senyawa metabolit seperti flavonoids, strigolakton (Rasmann & Turlings, 2016), karbon, asam organik seperti alifatik, asam aromatik berupa amida, karbohidrat, laktik, malik, dan asam amino (Babalola, 2010).

Mikroorganisme yang berada di rizosfer bagi tanaman dapat memiliki beberapa peran, di antaranya sebagai biostimulan yang memicu pertumbuhan dan perkembangan tanaman serta menginduksi ketahanan tanaman, biofertilizer yang dapat meningkatkan ketersediaan dan penyerapan unsur hara bagi tanaman, biodekomposer yang mengurai bahan organik, dan biokontrol untuk mengendalikan serangan organisme pengganggu tanaman (OPT).

Mikroba sebagai biostimulan dapat merangsang pertumbuhan tanaman dan mengaktifkan ketahanan tanaman terhadap stres biotik dan abiotik. *Trichoderma longibrachiatum* menginduksi tanaman bawang dan meningkatkan 25 jenis metabolit yang berperan dalam mengatasi stress biotik dan abiotik, meningkatkan jumlah karbohidrat, phenylpropanoid dan sulfur yang merupakan hasil asimilasi, antioxidant berupa, meningkatkan pertumbuhan tanaman, dan juga tahan terhadap cekaman zat oksidatif dan patogen seperti *Fusarium oxysporum* cepae (FOCe) (Abdelrahman et al., 2016; Rodríguez-Hernández et al., 2023). Mikroba biofertilizer berperan pada tanaman dengan membantu menyediakan nutrisi inorganik dan hormon tumbuh (Alawiye & Babalola, 2019; Raghavendra et al., 2016).

Cendawan rizosfer yang berperan sebagai biodekomposer adalah organisme yang mampu menghasilkan enzim pendegradasi dinding sel seperti selulase, hemiselulase, dan enzim pemecah lignin. Beberapa kelompok organisme yang dilaporkan mampu mendegradasi senyawa lignin, selulosa, dan hemiselulosa adalah cendawan *T. asperellum* dan *Pleurotus ostreatus* efektif mendegradasi lignin pada jerami padi dan bungkil kedelai (Singh et al., 2021).

Peran cendawan rizosfer bagi tanaman sebagai biokontrol adalah cendawan yang mampu mengendalikan OPT dengan mekanisme antagonis, mengeluarkan enzim pendegradasi dinding sel patogen, dan antibiosis. Mikroba rizosfer yang dikumpulkan dari pertanaman bambu, bawang merah, anggur, dan jambu biji menunjukkan efektivitas antagonis sebesar 44,98 % - 100% (Xa & Nghia, 2020). *Aspergillus* dan *Paecilomyces* yang diisolasi pada tanaman bawang merah (antagonisme: 65,58 – 84,71%) (Suganda., 2020), *T. harzianum*, *T. tomentosum* dan *T. gamsii* menghasilkan enzim selulase, kitinase dan pektinase (54 %) (Melchor et al., 2021), *T. asperellum* dari rizosfer buncis (76,58 %) (Hammad et al., 2021), *Trichoderma* diisolasi dari rizosfer tanaman tomat, stroberi yang sehat yaitu *T. afroharzianum*, *T. gamsii*, *T. longibrachiatum*, *T. atroviride*, *T. brevicompactum*, *T. breve*, dan *T. lixii*, memiliki aktivitas antagonis 65%, aktivitas antagonis dari strain *T. harzianum* dan *T. viride* menghasilkan antifungal berupa etil acetat (89 %) (Yassin et al., 2021).

Pemanfaatan mikroba rizosfer pada tanaman jagung di antaranya untuk pengendalian *Fusarium verticillioides* secara biosintetik cendawan rizosfer menghasilkan potasium, fosfat, dan enzim protease (Mirsam et al., 2021a, 2022), untuk mengendalikan penyakit bulai pada tanaman jagung menggunakan mikroba rizosfer telah dilakukan oleh Djaenuddin et al. (2021) dimana *Bacillus paramycooides* Ga3 + asam salisilat dapat menekan kejadian penyakit hingga 13%. *T. asperellum* menghasilkan senyawa metabolit sekunder 6-Pentyl- $\alpha$ -Pyrone yang dapat menekan pertumbuhan patogen *Magnaportheopsis maydis* penyebab penyakit layu pada jagung (Degani & Dor, 2021). *T. asperellum* AC.3 menginduksi ketahanan sistemik jagung melalui kultur filtrat dan menekan penyakit hingga 39% (Djaenuddin et al., 2025). Namun, mekanisme kerja

agensia hayati dari rizosfer untuk penyakit bulai, baik mekanisme antagonis maupun mekanisme antibiosis, pada tanaman jagung masih kurang diteliti.

Keragaman mikroorganisme pada rizosfer tanaman sangat berlimpah dan dipengaruhi oleh keragaman vegetasi di atasnya, fisiokimia tanah, bahan organik, iklim dan pola budidaya tanaman. Keragaman cendawan rizosfer pada tanaman talas satoimo memiliki indeks keragaman 2,85 dengan indeks sedang (Wisdawati et al., 2021a), pada tanaman *Angelica sinensis* (Oliv.) memiliki index Shannon : 5-9 (tinggi) (Jing et al., 2025), pada kedelai dengan pertanian organik memiliki index Shannon : 3.98-5.18 (tinggi) (Agyekum et al., 2023), pada index Shannon :  $2,52 \pm 0,29$  (medium) (Dlamini et al., 2023). Tekstur berpasir lebih kaya mikroba rizosfer (Aminatun et al., 2021), terdapat komunitas bakteri dan cendawan yang sangat beragam di rizosfer tanaman yang ditanam di pertanian alami dibandingkan pada tanah dipertanaman konvensional (Agyekum et al., 2023).

Pola monokultur yang terus menerus menyebabkan berkurangnya kelimpahan mikroorganisme berguna dan pertumbuhan tanaman yang terus menurun (Zhao et al., 2018). Monokultur dalam jangka panjang mengubah sifat kimia tanah, struktur dan fungsi komunitas mikroba tanah rizosfer, mengurangi kelimpahan relatif genera mikroba yang berpotensi menguntungkan dan meningkatkan kelimpahan relatif genera cendawan yang berpotensi patogen, sehingga potensi risiko penyakit yang ditularkan melalui tanah meningkat, sehingga mengurangi hasil dan kualitas tanaman (Li et al., 2022; Mao & Jiang, 2021; Xi et al., 2019). Pada tingkat genus, kelimpahan relatif genera mikroflora yang berpotensi menguntungkan lebih tinggi pada tanah rizosfer dari penanaman rotasi daripada di penanaman monokultur yang terus menerus (Horner et al., 2019). Namun informasi tentang keragaman mikroorganisme pada rizosfer tanaman jagung dengan pola kultur teknis yang berbeda masih kurang dijumpai.

Untuk melihat keragaman dan senyawa metabolit dari cendawan rizosfer, dapat digunakan metode multi-omik. Multi-omik berasal dari kata omik yang artinya totalitas kelas molekul biologis yang merupakan pendekatan modern dan holistik untuk melihat sistem biologi yang memanfaatkan kumpulan data multi-omik (misalnya genom, proteom, transkriptom, dan metabolom). Multi-omik berdasarkan komponen yang menjadi objek analisis terdiri dari metaproteomik, meta-transkriptomik, metabolomik, dan metagenomik (White et al., 2017). Metatranskriptomik digunakan untuk mengetahui taksonomi dan fungsi mikroba rizosfer berdasarkan RNA (Tartaglia et al., 2023), metaproteomik dapat menganalisis sejumlah protein pada suatu komunitas, dan metabolomik telah digunakan untuk menganalisis metabolit yang diproduksi oleh mikroba dalam struktur komunitas mikroba rizosfer (Alawiye & Babalola, 2021).

Metagenomik digunakan untuk mengetahui komunitas mikroba pada lingkungan tertentu yang tidak dapat dikulturkan (*unculturable*). Prinsip analisis keragaman secara metagenomik dilakukan berdasarkan analisis DNA yang diambil langsung dari suatu komunitas misalnya berasal dari tanah, air laut atau cairan perut manusia untuk digunakan pada analisis DNA langsung terkait keragaman DNA total (Hugenholtz & Gene, 2008). Menggunakan multi-omik menciptakan peluang baru untuk berkembang secara efisien dan ramah lingkungan untuk meningkatkan produktivitas pertanian melalui manipulasi mikroorganisme (Chukwuneme et al., 2021).

Analisis metagenomik dapat digunakan untuk melihat keragaman cendawan rizosfer yang berbasis analisis genetik sehingga diperoleh hasil yang menyeluruh dalam waktu yang singkat dan dengan cara yang lebih mudah. Metagenomik merupakan pengembangan dari biologi molekuler yang menggunakan teknik omik untuk studi keanekaragaman dan kelimpahan mikroba, dan dapat melihat interaksi antara tanaman dengan mikroba, dapat mengidentifikasi mikroorganisme yang ada di dalam sampel tertentu untuk melihat fungsi, efek atau aktivitas mikroba, bahkan mengetahui genomnya.

Berdasarkan uraian di atas, maka diperlukan penelitian terhadap cendawan rizosfer dari tanaman jagung pada pola kultur teknis berbeda untuk dianalisis metagenomik dan metabolomik sehingga dapat melihat keragaman atau kelimpahan dan menguji potensinya sebagai agen biokontrol pada penyakit bulai pada tanaman jagung serta mendapatkan profil metabolomik cendawan.

## **1.2. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang diuraikan sebelumnya maka dibuat rumusan masalah sebagai berikut :

1. Bagaimana keragaman dan kelimpahan cendawan rizosfer dari tanaman jagung pada pola kultur teknis yang berbeda?
2. Bagaimana peranan cendawan rizosfer dari tanaman jagung sebagai agen biokontrol terhadap pengendalian penyakit bulai?
3. Bagaimana profil metabolomik cendawan rizosfer yang berperan sebagai biokontrol pada penyakit bulai?

## **1.3. Tujuan Penelitian**

Tujuan umum dilakukannya penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Untuk mengeksplorasi keragaman dan kelimpahan cendawan rizosfer dari tanaman jagung pada pola kultur teknis yang berbeda
2. Untuk mengevaluasi peranan cendawan rizosfer dari tanaman jagung sebagai agen biokontrol terhadap pengendalian penyakit bulai
3. Untuk menganalisis profil metabolomik cendawan rizosfer yang berperan sebagai agen biokontrol pada penyakit bulai.

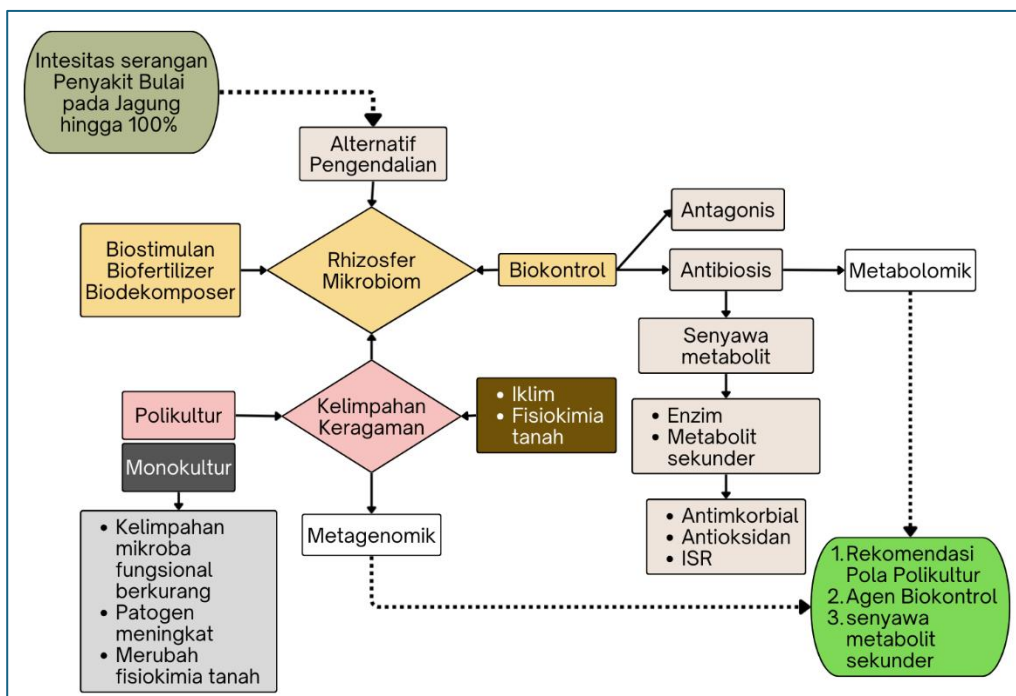
## **1.4. Kegunaan Penelitian**

Kegunaan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Sebagai sumber informasi keragaman cendawan rizosfer pada pola kultur teknis yang berbeda
2. Sebagai bahan evaluasi mengenai peranan cendawan rizosfer sebagai agen biokontrol penyakit bulai pada tanaman jagung
3. Sebagai sumber informasi profil metabolomik cendawan rizosfer yang berperan sebagai agen biokontrol pada penyakit bulai.
4. Sebagai referensi pengambilan keputusan dalam pengendalian penyakit bulai yang berkelanjutan.

## 1.5. Kerangka Pemikiran

Berdasarkan latar belakang, kerangka pikir penelitian (**Gambar 1.1**) menjelaskan tentang tantangan pengendalian penyakit bulai pada tanaman jagung menggunakan cendawan rizosfer. Pada area rizosfer tanaman terdapat interaksi antara mikroba dan tanaman yang sifatnya saling menguntungkan, dimana mikroba berperan sebagai biostimulan, biodekomposer dan biokontrol. Keragaman cendawan rizosfer dianalisis pada pola kultur yang berbeda yaitu monokultur dan polikultur menggunakan analisis metagenomik. Peran biokontrol dari cendawan rizosfer diharapkan dapat menekan penyakit bulai pada jagung. Analisis metabolomik juga dapat menghasilkan profil senyawa metabolit sekunder pada cendawan rizosfer.



**Gambar 1.1.** Kerangka pemikiran penelitian

## 1.6. Kebaruan Penelitian

Berdasarkan studi literatur (**Tabel 1.1**) yang dilakukan diperoleh keragaman dari mikrobiota termasuk cendawan rizosfer, berupa keragaman populasi dan jenis mikroba juga keragaman dalam hal peranan cendawan mikroba bagi pertumbuhan dan kesehatan tanaman. Kebaruan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Belum dilakukannya analisis metagenomik untuk melihat keragaman cendawan rizosfer yang berasal dari tanaman jagung pada pola kultur teknis berbeda
2. Belum dilakukannya analisis metabolomik untuk mengetahui senyawa bioaktif dari cendawan rizosfer yang berasal dari tanaman jagung pada berbagai pola kultur teknis

3. Belum diperolehnya cendawan rizosfer yang berasal dari tanaman jagung pada berbagai pola kultur teknis sebagai agen biokontrol untuk mengendalikan penyakit bulai pada tanaman jagung.

**Tabel 1.1.** Referensi terkait kebaharuan dari penelitian

Judul	Penulis	Jurnal	Link Doi
<b>Keragaman cendawan Rizosfer</b>			
Identification of rhizosphere fungi in corn ( <i>Zea mays</i> L.) and test of the effectiveness of <i>Trichoderma</i> sp. propagation media (2022)	Bibiana Rini Widiati, Andi Herwati, dan Sofyan	Jurnal Galung Tropika	<a href="https://doi.org/10.31850/jgt.v11i3.1000">https://doi.org/10.31850/jgt.v11i3.1000</a>
Diversity indices of plant communities and their rhizosphere microbiomes: an attempt to find the connection (2021)	Aleksei O. Zverev, Arina A. Kichko, Aleksandr G. Pinaev, Nikolay A. Provorov dan Evgeny E. Andronov	Microorganisms	<a href="https://doi.org/10.3390/microorganism9112339">https://doi.org/10.3390/microorganism9112339</a>
Diversity and function of soybean rhizosphere microbiome under nature farming (2023)	Dominic V. A. Agyekum, Tatsuyuki Kobayashi, Khondoker M. G. Dastogeer, Michiko Yasuda, Elsie Sarkodee-Addo, Safirah T. N. Ratu, Qicong Xu, Takaaki Miki, Eri Matsuura, dan Shin Okazak	Frontiers in Microbiology	<a href="https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130969">https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130969</a>
<b>Metagenomik</b>			
The diverse functional genes of maize rhizosphere microbiota assessed using shotgun metagenomics.	Akin Akinola, S. A., Ayangbenro, A. S., & Babalola, O. O. (2021).	Journal of the Science of Food and Agriculture, 101(8), 3193–3201	<a href="https://doi.org/10.1002/jsfa.10948">https://doi.org/10.1002/jsfa.10948</a>
Feasibility of applying shotgun metagenomic analyses to grapevine leaf, rhizosphere, and soil microbiome characterisation	D. Azevedo-Silva, J.A. Rasmussen, M. Carneiro, M.T.P. dan Gilbert dH. Azevedo (2021)	Australian Journal of Grape and Wine Research	<a href="https://doi.org/10.1111/ajgw.12508">https://doi.org/10.1111/ajgw.12508</a>

Judul	Penulis	Jurnal	Link Doi
The diverse functional genes of maize rhizosphere microbiota assessed using shotgun metagenomics	Saheed Adekunle Akinola, Ayansina Segun Ayangbenro dan Olubukola Oluranti Babalola (2021)	Journal of the Science of Food and Agriculture	<a href="https://doi.org/10.1002/jsfa.10948">https://doi.org/10.1002/jsfa.10948</a>
Nanopore-based metagenomic analysis of the impact of nanoparticles on soil microbial communities	Sangeeta Chavana, Vishwas Sarangdhara, Nadanathangam dan Vigneshwaran (2022)	Heliyon	<a href="https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09693">https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09693</a>
Maize rhizosphere modulates the microbiome diversity and community structure to enhance plant health	Siphiwe Prudence Dlamini, Akinlolu Olalekan Akanmu, dan Ayomide Emmanuel Fadiji,	Saudi Journal of Biological Sciences	<a href="https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103499">https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103499</a>
<b>Biokontrol</b>			
The effectiveness of <i>Trichoderma</i> spp. against downy mildew disease of corn	Joko Prasetyo, Sudiono, Cipta Ginting, dan Yulia Citra Permatasari (2019)	Annual Research & Review in Biology	<a href="https://doi.org/10.9734/ARRB/2019/v31i630068">https://doi.org/10.9734/ARRB/2019/v31i630068</a>
Biopriming with rhizosphere <i>Trichoderma harzianum</i> elicits protection against grapevine downy mildew disease by triggering histopathological and biochemical defense responses	Milan V. Kamble, Shreya M. Joshi, Shiva Hadimani, dan Sudisha Jogaiah (2021)	Rhizosphere	<a href="https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2021.100398">https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2021.100398</a>
The effectiveness of rhizosphere bacteria in inducing the resistance of maize to downy mildew, <i>Peronosclerospora philippinensis</i> (2021)	Djaenuddin, Azrai, Kuswinanti, dan Patandjeng	IOP Conference Series: Earth and Environmental Science	<a href="https://doi.org/10.1088/1755-1315/807/2/022106">https://doi.org/10.1088/1755-1315/807/2/022106</a>
Maize rhizosphere modulates the microbiome diversity and community structure to enhance plant health	Siphiwe Prudence Dlamini, Akinlolu Olalekan Akanmu, Ayomide Emmanuel Fadiji, dan Olubukola Oluranti Babalola (2023)	Saudi Journal of Biological Sciences	<a href="https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103499">https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103499</a>

## 1.7. Daftar Pustaka

- Abdelrahman, M., Abdel-Motaal, F., El-Sayed, M., Jogaiah, S., Shigyo, M., Ito, S. ichi, & Tran, L. S. P. (2016). Dissection of *Trichoderma longibrachiatum*-induced defense in onion (*Allium cepa* L.) against *Fusarium oxysporum* f. sp. *cepa* by target metabolite profiling. *Plant Science*, *246*, 128–138. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2016.02.008>
- Agyekum, D. V. A., Kobayashi, T., Dastogeer, K. M. G., Yasuda, M., Sarkodee-Addo, E., Ratu, S. T. N., Xu, Q., Miki, T., Matsuura, E., & Okazaki, S. (2023). Diversity and function of soybean rhizosphere microbiome under nature farming. *Frontiers in Microbiology*, *14*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130969>
- Alawiye, T., & Babalola, O. (2021). Metagenomic Insight into the Community Structure and Functional Genes in the Sunflower Rhizosphere Microbiome. *Agriculture*, *11*(2), 167. <https://doi.org/10.3390/agriculture11020167>
- Alawiye, T. T., & Babalola, O. O. (2019). Bacterial diversity and community structure in typical plant rhizosphere. In *Diversity* (Vol. 11, Number 10). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/d11100179>
- Allaman, H., Goyette, S., Dubuis, P.-H., & Kasparian, J. (2026). Future viability of European vineyards using bioclimatic climate analogues. *Agricultural and Forest Meteorology*, *378*, 110978. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2025.110978>
- Babalola, O. O. (2010). Beneficial bacteria of agricultural importance. In *Biotechnology Letters* (Vol. 32, Number 11, pp. 1559–1570). <https://doi.org/10.1007/s10529-010-0347-0>
- Bani, P. W., Daryono, B. S., & Purnomo, P. (2017). Penanda Molekuler Inter Simple Sequence Repeat untuk Menentukan Ketahanan Tanaman Jagung terhadap Penyakit Bulai. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*, *13*(4), 127–135. <https://doi.org/10.14692/jfi.13.4.127>
- Caboni, P., & Cabras, P. (2010). Chapter 2 - Pesticides' Influence on Wine Fermentation (S. L. Taylor, Ed.; Vol. 59, pp. 43–62). *Academic Press*. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1043-4526\(10\)59002-8](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1043-4526(10)59002-8)
- Chaluvaraju, G., Basavaraju, P., Shetty, N. P., Deepak, S. A., Amruthesh, K. N., & Shetty, H. S. (2004). Effect of some phosphorous-based compounds on control of pearl millet downy mildew disease. *Crop Protection*, *23*(7), 595–600. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2003.11.008>
- Chukwuneme, C. F., Ayangbenro, A. S., Babalola, O. O., & Raphael Kutu, F. (2021). Functional diversity of microbial communities in two contrasting maize rhizosphere soils. *Rhizosphere*, *17*. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100282>
- Crouch, J. A., Davis, W. J., Shishkoff, N., Castroagudín, V. L., Martin, F., Michelmore, R., & Thines, M. (2022). Peronosporaceae species causing downy mildew diseases of Poaceae, including nomenclature revisions and diagnostic resources. *Fungal Systematics and Evolution*, *9*, 43–86. <https://doi.org/10.3114/fuse.2022.09.05>

- Daryono, B. S., Parazulfa, A., & Purnomo, P. (2018). Uji Ketahanan Tujuh Kultivar Jagung (*Zea mays* L.) Terhadap Penyakit Bulai (*Peronosclerospora* spp.). *Biogenesis: Jurnal Ilmiah Biologi*, 6(1), 11–17. <https://doi.org/10.24252/bio.v6i1.4175>
- Degani, O., & Dor, S. (2021). *Trichoderma* biological control to protect sensitive maize hybrids against late wilt disease in the field. *Journal of Fungi*, 7(4). <https://doi.org/10.3390/jof7040315>
- Djaenuddin, N., Azrai, M., Kuswinanti, T., & Patandjengi, B. (2021). The effectiveness of rhizosphere bacteria in inducing the resistance of maize to downy mildew, *Peronosclerospora philipinensis*. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 807(2). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/807/2/022106>
- Djaenuddin, N., Mirsam, H., Yusnawan, E., Nasruddin, A., Patandjengi, B., & Kuswinanti, T. (2025). Biological control activities of *Trichoderma asperellum* AC.3 in inducing maize resistance against downy mildew disease. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 136, 102564. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.102564>
- Dlamini, S. P., Akanmu, A. O., Fadiji, A. E., & Babalola, O. O. (2023). Maize rhizosphere modulates the microbiome diversity and community structure to enhance plant health. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 30(1), 103499. <https://doi.org/10.1016/J.SJBS.2022.103499>
- El-Sharkawy, H. H. A., Rashad, Y. M., El-kenawy, M. A., & Galilah, D. A. (2022). Magnesium carbonate elicits defense-related genes in King Ruby grapevines against downy mildew and improves its growth, yield, and berries quality. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 184, 105075. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2022.105075>
- Ginting, C., Prasetyo, J., Dirmawati, S. R., Ivayani, ., Timotiwu, P. B., Maryono, T., Widyastuti, ., Chafisa, D. I. R., Asyifa, A., Setyowati, E., & Pasaribu, A. H. Z. (2020). Identification of Maize Downy Mildew Pathogen in Lampung and the Effects of Varieties and Metalaxyl on Disease Incidence. *Annual Research & Review in Biology*, 23–35. <https://doi.org/10.9734/arrb/2020/v35i730244>
- Govers, F. (2024). Chapter 15 - Diseases caused by Oomycetes. In R. P. Oliver (Ed.), *Agrios' Plant Pathology (Sixth Edition)* (Sixth Edit, pp. 435–463). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-12-822429-8.00015-7>
- Hammad, M., Guillemette, T., Alem, M., Bastide, F., & Louanchi, M. (2021). First report of three species of *Trichoderma* isolated from the rhizosphere in Algeria and the high antagonistic effect of *Trichoderma brevicompactum* to control grey mould disease of tomato. *Egyptian Journal for Biological Pest Control*, 4.
- Hikmahwati, Kuswinanti, T., & Melina. (2011). Karakterisasi Morfologi *Peronosclerospora* spp. Penyebab Penyakit Bulai pada tanaman Jagung di Beberapa Daerah di Indonesia. *Fitomedika*, 7(3), 159–161.
- Horner, A., Browett, S. S., & Antwis, R. E. (2019). Mixed-Cropping Between Field Pea Varieties Alters Root Bacterial and Fungal Communities. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53342-8>

- Hugenholtz, P., & Gene, W. T. (2008). *Why the "meta" in metagenomics?* [www.genomesonline.org](http://www.genomesonline.org).
- Ji, Z., Liu, Z., Han, Y., & Sun, Y. (2022). Exogenous dopamine promotes photosynthesis and carbohydrate metabolism of downy mildew-infected cucumber. *Scientia Horticulturae*, 295, 110842. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.110842>
- Jing, M., Wang, J., Zhang, G., Ou, X., Wu, N., & Yao, K. (2025). Exploring the synergistic effects of soil nutrients, rhizosphere fungi, and endophytic fungi on the shaping of root metabolites in *Angelica sinensis* (Oliv.) Diels. *Fungal Biology*, 129(1), 101533. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2024.101533>
- Keinath, A. P., & de Figueiredo Silva, F. (2022). Economic impacts of reduced fungicide efficacy against downy mildew on slicing cucumber. *Crop Protection*, 155, 105934. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.105934>
- Kim, H. C., Kim, K. H., Song, K., Kim, J. Y., & Lee, B. M. (2020). Identification and validation of candidate genes conferring resistance to downy mildew in maize (*Zea mays* L.). *Genes*, 11(2). <https://doi.org/10.3390/genes11020191>
- Li, Y., Li, J., Li, S., Zhang, X., & Xie, X. (2022). Effects of different composting methods on Enteromorpha: Maturity, nutrients, and organic carbon transformation. *Journal of Cleaner Production*, 380. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2022.135073>
- Lukman, R., Afifuddin, A., & Lübberstedt, T. (2016). Tracing the signature of *Peronosclerospora maydis* in maize seeds. *Australasian Plant Pathology*, 45(1), 73–82. <https://doi.org/10.1007/s13313-015-0390-3>
- Mao, T., & Jiang, X. (2021). Changes in microbial community and enzyme activity in soil under continuous pepper cropping in response to *Trichoderma hamatum* MHT1134 application. *Scientific Reports*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-00951-x>
- Melchor, D. J. H., Ronald, F.-C., Pablo A, L., R, F.-R. M., Gracia-Avila, J., De, C., & Alarcon, A. (2021). Qualitative and Quantitative Enzymatic Profile of Native *Trichoderma* Strains and Biocontrol Potential Against *Fusarium oxysporum* f.sp cubenses Race 1. *JMBFS*.
- Mirsam, H., Kalqutny, S. H., Suriani, Aqil, M., Azrai, M., Pakki, S., Muis, A., Djaenuddin, N., Rauf, A. W., & Muslimin. (2021). Indigenous fungi from corn as a potential plant growth promoter and its role in *Fusarium verticillioides* suppression on corn. *Heliyon*, 7(9), e07926. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07926>
- Mirsam, H., Suriani, Aqil, M., Azrai, M., Efendi, R., Muliadi, A., Sembiring, H., & Azis, A. I. (2022). Molecular characterization of indigenous microbes and its potential as a biological control agent of *Fusarium* stem rot disease (*Fusarium verticillioides*) on maize. *Heliyon*, 8(12). <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11960>
- Mishra, S., Srivastava, A., Singh, A., Pandey, G. C., & Srivastava, G. (2024). An overview of symbiotic and pathogenic interactions at the fungi-plant interface under environmental constraints. *Frontiers in Fungal Biology*, 5. <https://doi.org/10.3389/ffunb.2024.1363460>
- Muimba-Kankolongo, A. (2018). Chapter 8 - Cereal Production. In A. Muimba-Kankolongo (Ed.), *Food Crop Production by Smallholder Farmers in Southern*

- Africa* (pp. 73–121). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814383-4.00008-6>
- Muis, A., Pabendon, M. B., Nonci, N., Wahyu Purbowasito Setyo Waskito, dan, Penelitian Tanaman Serealia Jl Ratulangi, B., & Selatan, S. (2013). Keragaman Genetik *Peronosclerospora maydis* Penyebab Bulai pada Jagung Berdasarkan Analisis Marka SSR. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*, 32(3), 139–147. [www.powermarker.net](http://www.powermarker.net)
- Muis A., Suriani, Septian H.K, & Nurnina N. (2018). *Penyakit Bulai pada Tanaman Jagung dan Upaya Pengendaliannya*.
- Nandeeshkumar, P., Sudisha, J., Ramachandra, K. K., Prakash, H. S., Niranjana, S. R., & Shekar, S. H. (2008). Chitosan induced resistance to downy mildew in sunflower caused by *Plasmopara halstedii*. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 72(4–6), 188–194. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2008.09.001>
- Nandhini, M., Rajini, S. B., Udayashankar, A. C., Niranjana, S. R., Lund, O. S., Shetty, H. S., & Prakash, H. S. (2018). Diversity, plant growth promoting and downy mildew disease suppression potential of cultivable endophytic fungal communities associated with pearl millet. *Biological Control*, 127, 127–138. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2018.08.019>
- Nandhini, M., Rajini, S. B., Udayashankar, A. C., Niranjana, S. R., Lund, O. S., Shetty, H. S., & Prakash, H. S. (2019). Biofabricated zinc oxide nanoparticles as an eco-friendly alternative for growth promotion and management of downy mildew of pearl millet. *Crop Protection*, 121, 103–112. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.03.015>
- Pudjiwati, E. H., Kuswanto, Basuki, N., & Noor Sugiharto, A. (2013). Path analysis of some leaf characters related to downy mildew resistance in maize. *Agrivita*, 35(2), 167–173. <https://doi.org/10.17503/agrivita-2013-35-2-p167-173>
- Raghavendra, M. P., Nayaka, S. C., & Nuthan, B. R. (2016). Role of rhizosphere microflora in potassium solubilization. In *Potassium Solubilizing Microorganisms for Sustainable Agriculture* (pp. 43–59). Springer India. [https://doi.org/10.1007/978-81-322-2776-2\\_4](https://doi.org/10.1007/978-81-322-2776-2_4)
- Rashad, Y. M., El-Sharkawy, H. H. A., El-kenawy, M. A., & Galilah, D. A. (2023). Kaolin triggers defense-responsive genes in grapevines (cv. King Ruby seedless) to downy mildew and enhances its vegetative development, production, and berries quality standards. *Scientia Horticulturae*, 309, 111674. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2022.111674>
- Rasmann, S., & Turlings, T. C. J. (2016). Root signals that mediate mutualistic interactions in the rhizosphere. In *Current Opinion in Plant Biology* (Vol. 32, pp. 62–68). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2016.06.017>
- Rodríguez-Hernández, A. A., Herrera-Alvarez, M., Zapata-Sarmiento, D. H., Becerra-Martínez, E., Rodríguez-Monroy, M., & Sepúlveda-Jiménez, G. (2023). *Trichoderma asperellum* promotes the development and antioxidant activity of white onion (*Allium cepa* L.) plants. *Horticulture Environment and Biotechnology*, 64(1), 25–39. <https://doi.org/10.1007/s13580-022-00467-x>

- Rossi, V., Caffi, T., Giosuè, S., & Bugiani, R. (2008). A mechanistic model simulating primary infections of downy mildew in grapevine. *Ecological Modelling*, 212(3), 480–491. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2007.10.046>
- Sekarsari, R. A., Prasetyo, J., & Maryono, T. (2013). Pengaruh Beberapa Fungisida Nabati terhadap Keterjadian Penyakit Bulai pada Jagung Manis (*Zea mays saccharata*). In *Jurnal Agrotek Tropika* (Vol. 1, Number 1).
- Singh, A., Bajar, S., Devi, A., & Pant, D. (2021). An overview on the recent developments in fungal cellulase production and their industrial applications. In *Bioresource Technology Reports* (Vol. 14). <https://doi.org/10.1016/j.biteb.2021.100652>
- Singh, A. G., Vani Praveena, M., Dharmateja, P., Panday, A., Gurjar, T., Singh, D., & Vishnoi, M. (2025). Chapter 3 - Conventional breeding for biotic stress management in horticultural crops. In A. Chandra Rai, V. P. Rai, A. Kumar, G. Santoyo, & L. C. B. de Azevedo (Eds.), *Biotic Stress Tolerance in Horticultural Crops* (pp. 33–56). Woodhead Publishing. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-443-27324-7.00003-3>
- Sonhaji, Y. M., Surahman, M., Ilyas, S., Giyanto, Sumber Agung, D., Plosoklaten, K., & Timur, J. (2013). Seed Treatment Improved Seed Quality, Seed Production and Controlled Downey Mildew Disease on Sweet Corn. *J. Agron. Indonesia*, 41(3), 242–248.
- Sudisha, J., Amruthesh, K. N., Deepak, S. A., Shetty, N. P., Sarosh, B. R., & Shekar Shetty, H. (2005). Comparative efficacy of strobilurin fungicides against downy mildew disease of pearl millet. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 81(3), 188–197. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2004.08.001>
- Suganda T., A. S. R. (2020). Potensi jamur rizosfer bawang merah dalam menekan *Fusarium oxysporum* f. sp. cepae, penyebab penyakit busuk umbi bawang merah The potential of shallot rhizospheric fungi in suppressing *Fusarium oxysporum* f. sp. cepae, the causal agent of basal rot di. *Jurnal Kultivasi Vol. 19 (1) Maret 2020*, 19(1), 1015–1022.
- Tartaglia, M., Ranauda, M. A., Falzarano, A., Maisto, M., Postiglione, A., Prigioniero, A., Scarano, P., Zuzolo, D., Sciarrillo, R., & Guarino, C. (2023). Metatranscriptomics of pastures under drought stress show a rhizospheric meta-organism reshape. *Rhizosphere*, 26, 100687. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2023.100687>
- Thangavel, T., Scott, J., Jones, S., Gugalothu, R., & Wilson, C. (2020). Effect of physio-chemical seed treatments on opium poppy downy mildews caused by *Peronospora meconopsidis* and *P. somniferi*. *Plos One*, 15(4), e0230801. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230801>
- Tör, M., Wood, T., Webb, A., Göl, D., & McDowell, J. M. (2023). Recent developments in plant-downy mildew interactions. *Seminars in Cell & Developmental Biology*. <https://doi.org/10.1016/j.semcdb.2023.01.010>
- White, R. A., Rivas-Ubach, A., Borkum, M. I., Köberl, M., Bilbao, A., Colby, S. M., Hoyt, D. W., Bingol, K., Kim, Y. M., Wendler, J. P., Hixson, K. K., & Jansson, C. (2017). The state of rhizospheric science in the era of multi-omics: A practical guide to omics technologies. In *Rhizosphere* (Vol. 3, pp. 212–221). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2017.05.003>

- Wisdawati, E., Kuswinanti, T., Rosmana, A., & Nasruddin, A. (2021). Screening and identification of cellulolytic fungi at rhizosphere of safira taro plant. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 807(2). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/807/2/022041>
- Wu, J., Zhang, Y., Zhang, H., Huang, H., Folta, K. M., & Lu, J. (2010). Whole genome wide expression profiles of *Vitis amurensis* grape responding to downy mildew by using Solexa sequencing technology. *BMC Plant Biology*, 10(1), 234. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-10-234>
- Xa, L. T., & Nghia, N. K. (2020). Antagonistic activity against plant pathogenic fungus by various indigenous microorganisms from different cropping systems in Soc Trang Province, Vietnam. *Environment and Natural Resources Journal*, 18(3), 249–256. <https://doi.org/10.32526/enrj.18.3.2020.23>
- Xi, H., Shen, J., Qu, Z., Yang, D., Liu, S., Nie, X., & Zhu, L. (2019). Effects of Long-term Cotton Continuous Cropping on Soil Microbiome. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54771-1>
- Yassin, M. T., Mostafa, A. A. F., & Al-Askar, A. A. (2021). In vitro antagonistic activity of *Trichoderma harzianum* and *T. viride* strains compared to carbendazim fungicide against the fungal phytopathogens of *Sorghum bicolor* (L.) Moench. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 31(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00463-w>
- Zhao, Q., Xiong, W., Xing, Y., Sun, Y., Lin, X., & Dong, Y. (2018). Long-Term Coffee Monoculture Alters Soil Chemical Properties and Microbial Communities. *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24537-2>

## BAB II. ANALISIS METAGENOMIK CENDAWAN RIZOSFER JAGUNG PADA POLA KULTUR TEKNIS BERBEDA

\*) Artikel telah diterima pada International Journal of Agricultural and Bioscience (2025), UNIQUE SCIENTIFIC PUBLISHERS (terindex Scopus Quartil 1/Q1)

### 1.2. Latar Belakang

Pola kultur teknis monokultur yang didefinisikan sebagai penanaman berulang satu jenis tanaman pada lahan yang sama selama beberapa musim berturut-turut telah terbukti menyebabkan ketidakseimbangan ekologi yang signifikan, di antaranya membatasi keragaman eksudat akar dan input organik, sehingga mengubah kondisi habitat bagi mikroba tanah. Kondisi ini berkorelasi dengan menurunnya kelimpahan dan gen fungsional mikroba dan peningkatan penyakit tular tanah (Li et al., 2023; Wang et al., 2024). Meningkatnya kerentanan tanaman terhadap penyakit terjadi melalui akumulasi patogen. Penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa praktik monokultur jangka panjang meningkatkan kelimpahan cendawan patogen seperti *Fusarium*, *Alternaria*, *Verticillium*, dan *Colletotrichum*, sekaligus menurunkan mikroba menguntungkan, termasuk *Bacillus*, *Paenibacillus*, dan *Chaetomium* (Zhang et al., 2021; Gao et al., 2019). Kondisi ini mengganggu keseimbangan nutrisi dan interaksi mikroba tanah, sehingga menurunkan vitalitas tanaman dan mempercepat degradasi mikrobioma tanah (Kaur et al., 2022; Liu et al., 2023). Akibatnya, sistem monokultur melemahkan resiliensi ekosistem dan meningkatkan ketergantungan pada input eksternal seperti pupuk dan pestisida.

Polikultur melalui rotasi tanaman dan tumpang sari merupakan strategi efektif untuk menekan dampak negatif monokultur dengan meningkatkan keanekaragaman mikrobioma tanah (Hartman et al., 2018). Variasi lingkungan perakaran dan input organik dalam sistem ini mendukung kelimpahan serta fungsi komunitas mikroba, meningkatkan hasil panen, dan menekan mikroorganisme patogen (Ding et al., 2020; Xu et al., 2023; Zhang et al., 2023). Kelimpahan mikroba rizosfer yang tinggi juga berkorelasi kuat dengan rendahnya insiden penyakit tanaman ( $r = 0,961$ ), menunjukkan peran penting sistem rotasi dalam meningkatkan kesehatan dan ketahanan agroekosistem (Chukwuneme et al., 2021; Pieterse et al., 2016).

Analisis keanekaragaman mikroba tanah dapat dilakukan dengan mengkulturkan mikroba pada media buatan, namun metode ini hanya menghasilkan mikroba dalam jumlah yang terbatas, sehingga diperlukan prosedur alternatif untuk memperoleh dan mengidentifikasi mikroba tanah. Oleh karena itu, teknik metagenomik dapat digunakan untuk menilai spesies serta menentukan keanekaragaman, fungsi, dan metabolisme di antara komunitas mikroba di rizosfer (Diwan et al., 2022).

Metagenomik memungkinkan karakterisasi berbagai mikroba rizosfer yang tidak dapat dikulturkan (Babalola & Enagbonma, 2024; Cheng et al., 2024; Huo et al., 2024; Kalivas et al., 2017; Umadevi et al., 2024; Zhu et al., 2024). Secara khusus, metode ini mengekstrak DNA dari sampel komunitas, termasuk air, tanah, atau biopsi jaringan. Selanjutnya, penanda genomik secara taksonomi pada organisme diidentifikasi dan diamplifikasi menggunakan *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Amplikon yang

dihasilkan kemudian disekuensing dan dianalisis secara bioinformatika untuk menentukan struktur mikroba dan kelimpahan relatif (Wani et al., 2024). Meskipun banyak penelitian telah meneliti komunitas mikroba di rizosfer, endosfer, dan filosfer menggunakan teknik metagenomik (Chouhan et al., 2023; Lahlali et al., 2022; Lalid Kumar et al., 2024; Molefe et al., 2021; G. Yang et al., 2025), profil keanekaragaman spesifik komunitas cendawan yang tidak dapat dibudidayakan di rizosfer jagung masih belum banyak dieksplorasi.

*Oxford Nanopore Technology* (ONT) merupakan pendekatan potensial untuk mengkaji mikrobioma cendawan pada berbagai sistem budidaya pertanian, khususnya dalam konteks interaksi antara komposisi tanah dan variabel iklim (Hussain et al., 2024; Lewin et al., 2024). Teknologi sekuensing metagenomik *long-read* ini menawarkan keunggulan dibandingkan platform *short-read* seperti Illumina, terutama dalam resolusi taksonomi hingga tingkat spesies atau strain, perolehan *metagenome-assembled genome* (MAG) yang lebih utuh, serta deteksi gen fungsional dan varian struktural yang relevan secara ekologis (Martínez-García et al., 2015; Portik et al., 2022). Selain itu, kemampuan sekuensing *real-time* pada ONT memungkinkan deteksi patogen dan pemantauan lingkungan secara cepat, sehingga mendukung pemahaman yang lebih komprehensif mengenai dinamika komunitas cendawan dan perannya dalam budidaya jagung berkelanjutan (Zhou et al., 2024).

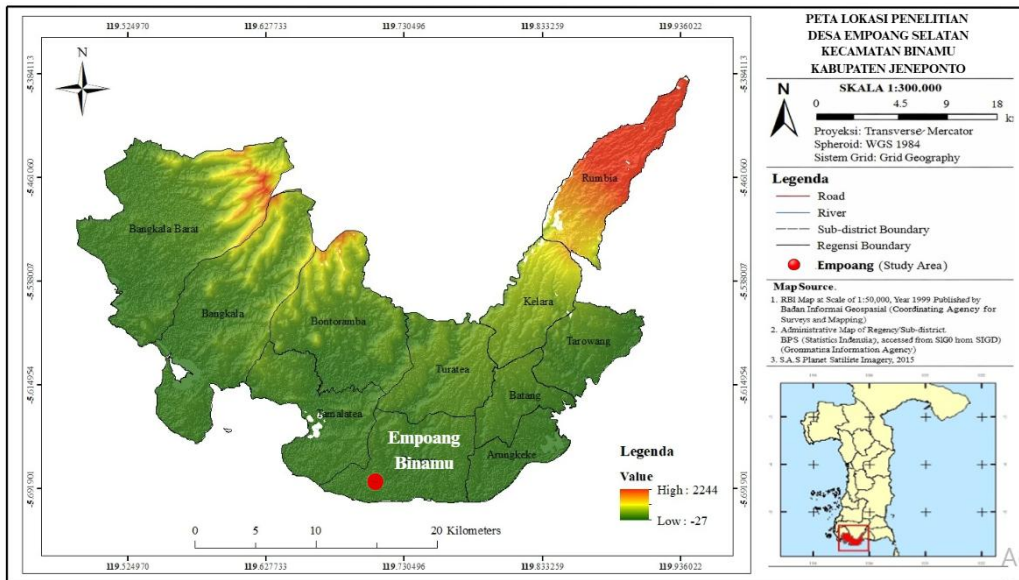
Jagung tetap menjadi salah satu tanaman sereal penting di dunia, dengan produksi tahunan melebihi 1,2 miliar ton dan berperan sebagai sumber utama pangan, pakan, dan bahan baku industri (FAO, 2023). Studi terbaru menunjukkan bahwa mikrobioma rizosfer berperan penting dalam menjaga produktivitas jagung dengan mengatur siklus hara, mendorong pertumbuhan tanaman, serta meningkatkan toleransi terhadap stres biotik dan abiotik (Chen et al., 2021; Liu et al., 2023). Mengingat meningkatnya permintaan global akan jagung dan ancaman lingkungan dari pertanian intensif, penting untuk melakukan penelitian terkait keragaman cendawan rizosfer menggunakan metagenomik dengan ONT untuk melihat kelimpahan dan keragaman cendawan rizosfer pada pola kultur teknis yang berbeda.

### 1.3. Metode

#### 1) Lokasi penelitian dan parameter lingkungan

Penelitian ini dilakukan di Desa Empoang Selatan, Kecamatan Binamu, Kabupaten Jeneponto, Sulawesi Selatan, Indonesia (**Gambar 2.1**). Desa Empoang Selatan merupakan wilayah yang terus menerus menanam jagung pulut Arumba seluas 35 Ha dengan pola monokultur dan polikultur. Menurut laporan koordinator pengamat OPT, Kabupaten Jeneponto (2025), serangan bulai sekitar kurang dari 25% dengan skala ringan. Lokasi penelitian berada di sekitar 5°23'12" hingga 5°42'1.2" lintang selatan, dan 119°29'12" hingga 119°56'44.9" bujur timur. Parameter lingkungan yang diukur di lokasi meliputi suhu udara, kelembapan relatif, intensitas cahaya, ketinggian, curah hujan, intensitas radiasi UV, dan kecepatan angin. Selanjutnya, analisis metagenomik dilakukan di Laboratorium Genetica Science Indonesia. Analisis fisikokimia tanah juga dilakukan pada pengukuran P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, Ca, Mg, K, Na, pH, N, C, kapasitas tukar kation (KTK),

kejenuhan basa (KB), nitrogen organik tanah, karbon organik tanah, rasio C/N, dan tekstur tanah di Laboratorium Ilmu Tanah, Fakultas Pertanian, Universitas Hasanuddin.



**Gambar 2.1.** Peta wilayah studi di Kabupaten Jeneponto. Lokasi pengambilan sampel monokultur dan polikultur ditandai dengan warna cokelat muda

## 2) Model pengumpulan data lapangan

Lokasi pengambilan sampel adalah pada lahan yang terus-menerus ditanami jagung selama 15 tahun terakhir dan menerapkan pola tanam monokultur dan polikultur yang terdapat serangan penyakit bulai yang terletak berdampingan pada satu areal. Data yang diambil adalah data antropogenik petani jagung dan insiden penyakit bulai pada jagung. Pengambilan sampel tanah dilakukan dengan pola lima blok, dengan empat blok terletak di bagian sudut dan satu di tengah lahan. Sampel representatif yang terdiri dari 10% tanaman jagung dari total populasi di lahan diambil untuk pengamatan penyakit (Kavitha & Umesha, 2007). Komunitas cendawan rizosfer diambil menggunakan teknik Deng et al. (2024) dari rizosfer tanaman sehat yang berada di dekat tanaman yang terinfeksi bulai. Tiga sampel tanah diambil dari lokasi berbeda; masing-masing sebanyak 20 g, kemudian dikomposit. Selanjutnya, diambil tiga subsampel dari campuran tersebut dan dimasukkan ke dalam wadah plastik steril. Semua sampel tanah disimpan pada suhu -40 °C hingga penggunaan selanjutnya.

### 3) Analisis metagenomik

#### a) Ekstraksi dan kontrol kualitas DNA sampel

Ekstraksi DNA dari sampel tanah dilakukan menggunakan Macherey-Nagel NucleoSpin Soil kit (Macherey-Nagel, 740780.50) dan ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit (Zymo Research, D4300), yang secara khusus dirancang untuk isolasi cepat DNA genomik dari mikroorganisme tanah. Sampel tanah dihomogenisasi menggunakan buffer lisis yang dikombinasikan dengan *ceramic beads*. Partikel tak larut, protein, dan inhibitor PCR, termasuk asam humat, dipresipitasi menggunakan buffer penghilang inhibitor. Inhibitor PCR yang tersisa dalam supernatan yang telah dijernihkan selanjutnya dihilangkan melalui kolom penghilang inhibitor PCR. Ekstraksi DNA pada kedua sampel dibuat dengan volume akhir sebesar 50  $\mu$ L dengan konsentrasi 3.6-24.4  $\mu$ L dan cukup untuk digunakan pada analisis metagenomik. Menurut Azevedo-Silva et al. (2021) volume DNA sebesar 50–100  $\mu$ L dengan konsentrasi berkisar antara 3,6 hingga 24,4 ng/ $\mu$ L sudah memadai untuk analisis metagenomik.

Elektroforesis pada gel agarosa TBE 1% dilakukan untuk menilai kemurnian DNA yang diekstraksi, dan konsentrasi DNA diukur menggunakan spektrofotometer NanoDrop™ (Thermo Fisher Scientific, USA) serta fluorometer Qubit™. Instrumen sekuensing dari Oxford Nanopore Technologies™ (ONT) digunakan dalam analisis selanjutnya.

#### b) Reaksi berantai polimerase (PCR), elektroforesis, dan pemurnian DNA

DNA genomik yang telah diisolasi diamplifikasi menggunakan PCR dengan primer ITS1 *forward* TCCGTAGGTGAACCTGCGG dan primer ITS4 *reverse* TCCTCCGCTTATTGATATGC. Amplifikasi PCR dilakukan menggunakan KOD-Multi & Epi™ kit (Toyobo, KME-101). Reaksi Polymerase Chain Reaction (PCR) dilakukan dalam volume reaksi 25  $\mu$ L yang terdiri dari 1  $\mu$ L masing-masing primer (10 pmol/ $\mu$ L), 4  $\mu$ L 5x Green GoTaq Flexi Buffer, 4  $\mu$ L 15 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,5  $\mu$ L 10 mM dNTP mix (Applied Biosystems), 1  $\mu$ L template DNA, dan 0,5  $\mu$ L GoTaq Flexi DNA Polymerase (5 U/ $\mu$ L), seluruhnya berasal dari Promega (USA). Kondisi *thermal cycler* meliputi denaturasi awal pada 95°C selama 3 menit, diikuti oleh 30 siklus denaturasi pada 95°C selama 15 detik, annealing pada 58°C selama 15 detik, dan ekstensi pada 72°C selama 1 menit 30 detik, dengan ekstensi akhir pada 72°C selama 3 menit. Selanjutnya, 2  $\mu$ L produk PCR diuji dengan elektroforesis pada gel agarosa TBE 1% yang direndam dalam buffer TAE 1X berisi gel red, serta dimasukkan 1 Kb DNA ladder sebanyak 2  $\mu$ L. Kemurnian DNA yang diekstraksi diukur menggunakan spektrofotometer NanoDrop™ (Thermo Fisher Scientific, USA) dan fluorometer Qubit™. Produk PCR yang dihasilkan kemudian digunakan untuk proses sekuensing.

#### c) Sekuensing dan identifikasi

Sekuensing dilakukan menggunakan GridION X5 (nomor seri GRD-X5B-003, GXB01498) dari Oxford Nanopore Technologies (ONT), yang dioperasikan dengan perangkat lunak MinKNOW™ versi 22.05.7. MinKNOW adalah perangkat lunak yang digunakan untuk menjalankan perangkat ONT dengan mengatur parameter sekuensing dan memonitor perkembangan sampel. Perangkat lunak ini memfasilitasi pengumpulan

data dan analisis secara real-time, melakukan *basecalling* lokal, serta menghasilkan file biner dalam format FAST5 untuk menyimpan metadata dan informasi pembacaan (Wang et al., 2021). Proses *basecalling*, yaitu konversi sinyal arus ion menjadi urutan nukleotida, dilakukan menggunakan Guppy™ versi 6.1.5 dengan model akurasi tinggi (Wick et al., 2019). Kualitas file FASTQ yang dihasilkan divisualisasikan menggunakan NanoPlot, dan penyaringan kualitas dilakukan dengan NanoFilt (De Coster et al., 2018; Nygaard et al., 2020). Klasifikasi taksonomi dari hasil pembacaan sekuensing dilakukan menggunakan classifier Centrifuge (Kim et al., 2016). Indeks cendawan dikonstruksi menggunakan basis data NCBI 16S RefSeq (<https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/RefSeq/TargetedLoci/>).

#### d) **Penilaian Keragaman**

Analisis keberagaman dilakukan dengan mengukur kelimpahan mikroba melalui jumlah *Operational Taxonomic Units* (OTUs) dan kelimpahan relatifnya (%). Kelimpahan relatif ditentukan dengan mengidentifikasi spesies yang ada pada setiap sampel dan kemudian divisualisasikan menggunakan diagram bar plot dan diagram Sankey. Metode keragaman alfa ( $\alpha$ ) digunakan untuk mengevaluasi keragaman dalam sampel dan dihitung menggunakan beberapa indeks, termasuk Observed species, Chao1, ACE, Shannon, Simpson, Inverse Simpson, dan Fisher.

#### e) **Visualisasi data**

Rata-rata kelimpahan relatif dari dua perlakuan untuk setiap sampel digunakan dalam analisis. Keragaman alfa dinilai menggunakan paket “vegan” (v2.5.6). Untuk memvisualisasikan kelimpahan relatif komunitas mikroba rizosfer. Boxplot dibuat menggunakan “ggpubr” (v0.2.3) dan GraphPad Prism 9.0 (GraphPad, <https://www.graphpad.com/scientific-software/prism>). Analisis lanjutan dan visualisasi dilakukan dengan Pavian (<https://github.com/fbreitwieser/pavian>) dan RStudio versi 4.2.0 (<https://www.R-project.org/>).

### **1.4. Hasil**

#### **1.4.1. Parameter lingkungan dan faktor antropogenik di area studi**

Parameter lingkungan hasil pengukuran di area pengambilan sampel tanah pada **Tabel 2.1** memberikan gambaran komprehensif mengenai kondisi iklim dan geografis yang memengaruhi lokasi penelitian. Kondisi ini adalah kondisi optimum untuk mendukung pertumbuhan jagung dan proliferasi mikroba. Praktik pertanian dapat mengubah suhu dan kadar air tanah, yang secara signifikan memengaruhi keragaman dan respons komunitas mikroba.

**Tabel 2.1.** Parameter lingkungan dan iklim, yang dicatat di area studi, beserta rentang nilai dan sumber data yang sesuai

Parameter	Rentang Nilai	Sumber
Suhu Udara (°C)	24–39	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)
Kelembapan Relatif (%)	38–90	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika Indonesia (2024)
Intensitas Cahaya(lux)	11,300–114,500	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)
Ketinggian (meter di atas permukaan laut)	25–100	Statistics Indonesia (BPS), Jeneponto District, 2024
Presipitasi(mm)	43–195	Statistics Indonesia (BPS), Jeneponto District, 2024
Intensitas Radiasi UV(W/m <sup>2</sup> )	18.4–21.5	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)
Kelembapan Udara (%)	83.2–84.59	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)
Kecepatan Angin(m/s)	35.9–40	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)
Curah Hujan (mm)	50-100	Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika(2024)

Faktor antropogenik dan praktik pengelolaan tanaman (**Tabel 2.2**) dalam sistem monokultur melibatkan penanaman jagung tunggal oleh petani, sedangkan sistem polikultur memadukan tanaman jagung dengan tanaman cabai. Penggunaan fungisida umumnya konsisten, namun pada monokultur dilakukan perlakuan benih, sementara pada polikultur fungisida diaplikasikan hanya setelah tanam. Secara mencolok, intensitas penyakit bulai lebih tinggi pada sistem polikultur (70%) dibandingkan dengan sistem monokultur (32%) diduga karena perlakuan pada benih oleh petani monokultur.

Para petani di lokasi pengambilan sampel telah membudidayakan jagung secara terus-menerus selama 15 tahun, dengan beberapa petak lahan digunakan untuk monokultur dan lainnya untuk polikultur jagung dengan tanaman cabai. Praktik budidaya berkelanjutan jangka panjang ini memiliki dampak signifikan terhadap kesehatan tanah dan dinamika mikroba. Budidaya terus-menerus menyebabkan akumulasi bahan kimia di dalam tanah, seperti sisa pupuk, pestisida, dan agrokimia lainnya, yang secara selektif memengaruhi populasi mikroba, siklus nutrisi, dan kualitas tanah secara keseluruhan.

#### 1.4.2. Sifat fisikokimia sampel tanah

Sifat fisiokimia pada kedua lokasi (**Tabel 2.3**) memperlihatkan kedua tanah tersebut tergolong bertekstur liat, meskipun distribusi ukuran partikelnya berbeda. Tanah monokultur terdiri atas 15% pasir, 25% debu, dan 60% liat, sedangkan tanah polikultur memiliki 28% pasir, 16% debu, dan 56% liat. pH tanah pada kedua sistem tersebut netral dengan nilai 6,76 untuk tanah monokultur dan 6,58 untuk tanah polikultur. Kandungan karbon organik lebih tinggi pada tanah polikultur (2,72%) dibandingkan dengan tanah monokultur (2,61%), sementara total nitrogen menunjukkan tren sebaliknya, yakni lebih tinggi pada monokultur (0,25%) daripada pada tanah polikultur (0,21%). Akibatnya, rasio

C/N lebih besar pada sistem polikultur (13) dibandingkan dengan monokultur (11), yang menunjukkan laju dekomposisi bahan organik yang relatif lebih lambat.

**Tabel 2.2.** Pola antropogenik dari petani tentang budidaya di lokasi pengambilan sampel

Faktor antropogenik	Monokultur	Polikultur
Tanaman	Jagung	Jagung-Cabai
Nama petani	Heri	Ruslan
Luas lahan(are)	30	100
Jarak antarbaris(cm)	70 x 20	70 x 30
Varietas Tanaman	Jagung Pulut Arumba (rentan bulai)	Jagung Pulut corn Arumba (rentan bulai)
Umur tanaman	40 HST	40 HST
Input	Kompos, bran, NPK, Urea, KCl, Kotoran ayam	Kompos, bran, NPK, Urea, KCl, kotoran ayam
Tanaman sebelumnya	Jagung	Jagung-Cabai
Tanaman di sekitarnya	Jagung-Cabai-Padi	Jagung-Cabai-Padi
Usia penggunaan lahan	15 tahun	15 tahun
Insektisida	Meurtiuer, Grndtama, Turmadax	Saporo, Reegent, Kayabas
Fungisida	Anyltracol, Acrobat, Nativo, Demetomorf (perlakuan benih dan aplikasi setelah penanaman)	Anyltracol, Acrobat, Nativo, Demetomorf (aplikasi setelah penanaman)
Pengolahan tanah	Pengolahan tanah yang optimal	Pengolahan tanah yang optimal

Secara keseluruhan, hasil penelitian menunjukkan bahwa meskipun parameter seperti  $P_2O_5$ , Ca, Mg, K, Na, pH, N, C, rasio C/N, KTK, kejenuhan basa, dan tekstur tanah bervariasi antara kedua sistem. Secara umum, tanah pada sistem monokultur menunjukkan tingkat kesuburan yang lebih rendah dibandingkan tanah yang dikelola dengan polikultur

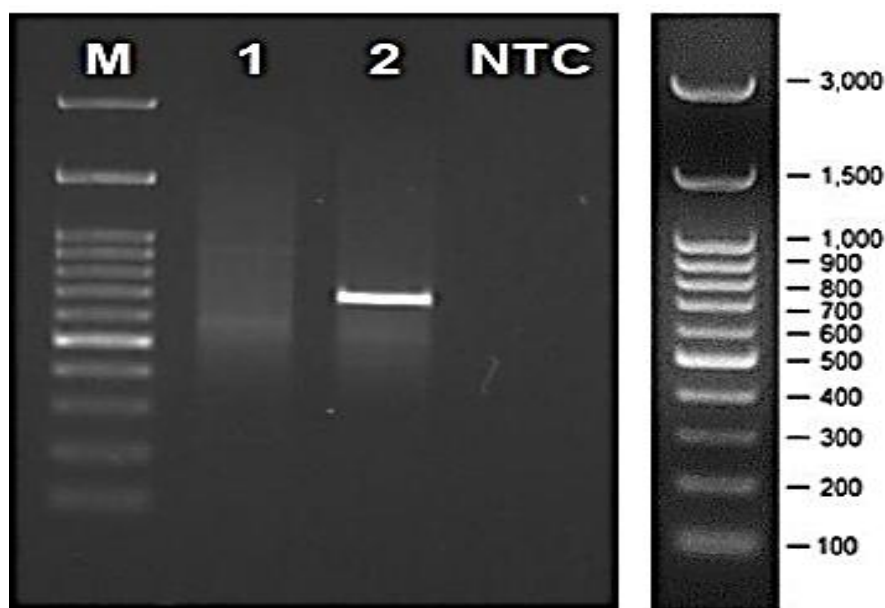
Kandungan bahan organik, pH, dan fosfor tersedia (AP) merupakan faktor kunci. Dalam studi ini, tanah monokultur memiliki pH 6,76 dan kandungan fosfor sebesar 15,35%, sedangkan tanah polikultur memiliki pH 6,58 dan kandungan fosfor sebesar 12,25%.

#### 1.4.3. Amplifikasi PCR pada sampel tanah

Gambar gel agarosa menampilkan produk PCR yang dihasilkan dengan mengamplifikasi DNA genomik (gDNA) menggunakan set primer ITS1-ITS4. Amplifikasi PCR menghasilkan pita DNA berukuran sekitar 600 dan 700 pasang basa (bp) seperti ditunjukkan pada **Gambar 2.2** menggunakan volume larutan DNA 50-100 µl dengan konsentrasi 3.6-24.4 µl dan cukup untuk digunakan pada analisis metagenomik. Kolom M berisi pita DNA (marker) yang berfungsi sebagai referensi ukuran untuk memperkirakan panjang fragmen hasil amplifikasi. Kolom 1 adalah polikultur, menunjukkan pita DNA yang agak samar atau buram, namun amplifikasi berhasil pada wilayah target dari sampel mikroba. Kolom 2 (monokultur) juga menunjukkan pita DNA, tetapi tampak jelas, yang mengindikasikan konsentrasi DNA yang lebih baik. Kolom NTC (kontrol) tidak menunjukkan pita yang terlihat, menunjukkan bahwa reagen PCR bebas dari kontaminasi. Secara keseluruhan, PCR berhasil dilakukan.

**Tabel 2.3.** Hasil fisikokimia tanah dari lokasi pengambilan sampel pada sistem monokultur dan polikultur

Parameter	Monokultur	Polikultur
<b>Tekstur(%)</b>		
- Pasir	15	28
- Lumpur Halus (Debu)	25	16
- Tanah liat	60	56
Kelas Texture	Tanah Liat	Tanah Liat
pH (H <sub>2</sub> O) in Extract 1:2.5	6.76	6.58
<b>Bahan Organik</b>	<b>Monokultur</b>	<b>Polikultur</b>
- Karbon (Walkley & Black, %)	2.61	2.72
- Nitrogen (Kjeldahl, %)	0.25	0.21
- Rasio C/N	11	13
<b>Fosfor Tersedia (Olsen P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, ppm)</b>	15.35	12.25
<b>Nilai Pertukaran Kation(cmol(+)/kg)</b>	<b>Monokultur</b>	<b>Polikultur</b>
- Kalsium (Ca)	11.25	10.15
- Magnesium (Mg)	2.09	1.25
- Potassium (K)	0.35	0.26
- Sodium (Na)	0.33	0.41
- Total Kation	14	12
- Kapasitas Tukar Kation (KTK)	26.35	24.25
- Kejenuhan Basa (BS, %)	53	50



**Gambar 2.2.** Visualisasi produk PCR (gDNA yang diamplifikasi dengan primer ITS1-ITS4). M= Marker; 1= Polikultur; 2= Monokultur; NTC= Kontrol

#### 1.4.4. Kelimpahan komunitas mikroba dalam unit taksonomi operasional (OTU)

Dalam analisis komparatif antara sistem polikultur dan monokultur, terdapat perbedaan mencolok dalam kelimpahan mikroba, di mana polikultur menunjukkan kelimpahan OTU yang lebih besar. Sistem polikultur menghasilkan 60.255 OTU,

sedangkan sistem monokultur hanya menghasilkan 11.328 OTU. Pada kedua sistem, filum Chytridiomycota dan Ascomycota mendominasi. Pada polikultur, Chytridiomycota menyumbang 39.399 OTU, sedangkan Ascomycota berkontribusi sebesar 20.174 OTU. Sebaliknya, sistem monokultur menunjukkan jumlah OTU yang jauh lebih rendah, dengan Ascomycota sebanyak 8.174 dan Chytridiomycota sebesar 2.000 (**Tabel 2.4**).

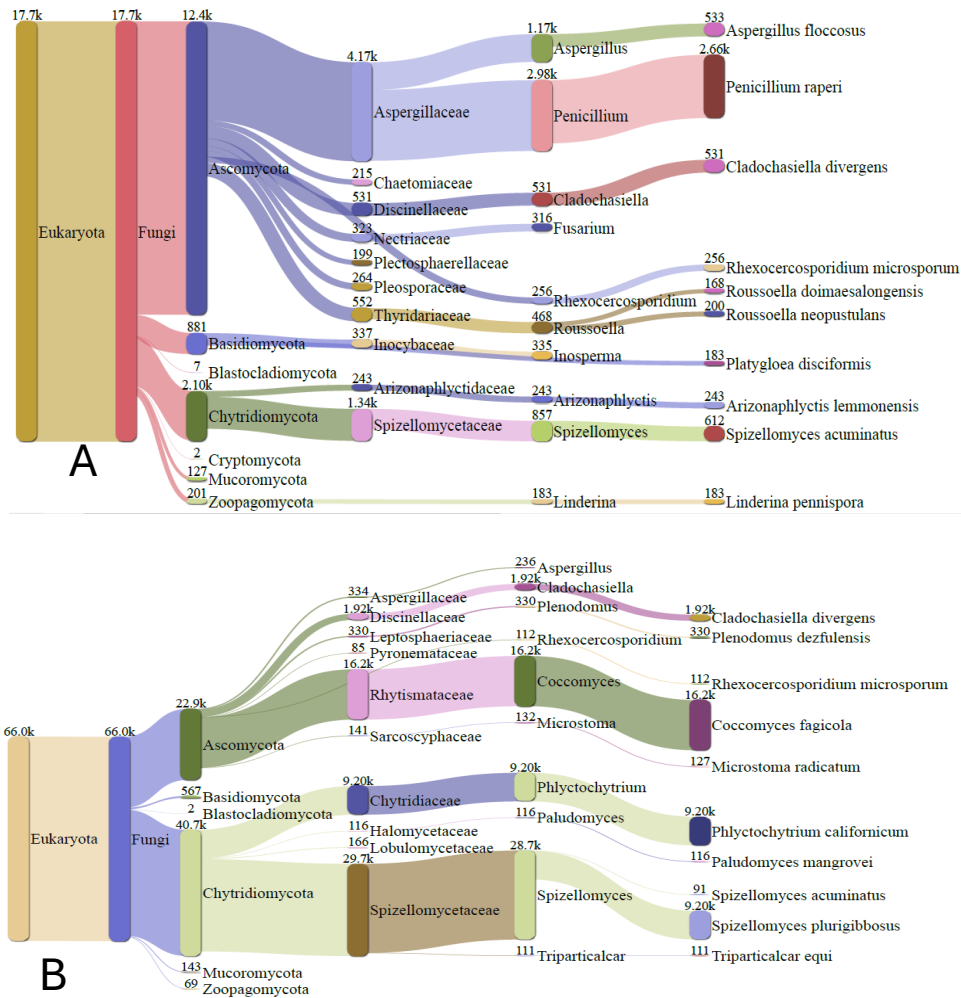
**Tabel 2.4.** Tingkat kelimpahan filum pada sampel monokultur dan polikultur

Filum	Kelimpahan (OTUs)			
	Monokultur	%	Polikultur	%
Ascomycota	<b>8.174*</b>	11.42	<b>20.174*</b>	28.18
Basidiomycota	825	1.15	480	0.67
Blastocladiomycota	7	0.01	2	0.00
Chytridiomycota	<b>2.000*</b>	2.79	<b>39.399*</b>	55.04
Cryptomycota	2	0.00	0	0.00
Mucoromycota	126	0.18	141	0.20
Zoopagomycota	194	0.27	59	0.08
Total	11.328		60.255	

**Gambar 2.3** menyajikan diagram Sankey yang memvisualisasikan spesies mikroba yang teridentifikasi dalam sampel, dengan panel yang masing-masing mewakili sistem monokultur (A) dan polikultur (B). Lebar setiap panah mencerminkan kelimpahan relatif spesies mikroba, menggambarkan perbedaan kuantitatif dalam distribusi spesies antara dua pola budidaya tersebut. Famili Aspergillaceae, dengan 4.170 unit taksonomi operasional (OTU), terutama terkait dengan sampel monokultur. Sebaliknya, sampel polikultur menunjukkan dominasi mencolok dari famili Spizellomycetaceae, yang mencakup 29.742 OTU. Pada tingkat genus dan spesies, sampel monokultur sebagian besar didominasi oleh genus *Penicillium*, yang merepresentasikan 2.981 OTU, termasuk spesies *Penicillium raperi* dengan 2.662 OTU. Sebaliknya, sampel polikultur terutama diwakili oleh genus *Spizellomyces*, dengan total 28.738 OTU, di mana spesies *Spizellomyces plurigibbosus* memberikan kontribusi signifikan sebesar 9.195 OTU. Variasi kelimpahan cendawan di rizosfer antara metode budidaya ini menunjukkan bahwa keanekaragaman tanaman berpengaruh positif terhadap kelimpahan cendawan; keanekaragaman tanaman atau vegetasi yang lebih tinggi berhubungan dengan peningkatan populasi cendawan di rizosfer.

**Tabel 2.5 (Lampiran 1)** menunjukkan jumlah kelimpahan unit taksonomi operasional (OTU) dari cendawan rizosfer memiliki banyak fungsi ekologi. Jumlah total OTU fungsional pada polikultur (48.209 OTU) dan monokultur (9.521 OTU). Pada monokultur, fungsi yang paling melimpah meliputi agen pengendali hayati dan ketahanan sistemik terinduksi (ISR) dengan 3.079 OTU, cendawan saprofit dengan 2.316 OTU, dekomposer dengan 622 OTU, dan patogen tanaman dengan 850 OTU. Fungsi lain yang menonjol adalah cendawan endofit (442 OTU), dan cendawan entomopatogenik (206 OTU). Sebaliknya, tanah polikultur memperlihatkan dominasi pada cendawan saprofit 26.132 OTU, dan kelimpahan endofit yang juga tinggi, yakni 9.303 OTU. Fungsi bioremediasi juga secara signifikan lebih tinggi pada polikultur (1.922 OTU) dibandingkan monokultur (588 OTU). Patogen tanaman sedikit lebih sedikit ditemukan pada polikultur (593 OTU) dibandingkan monokultur (846 OTU). Fungsi lain, seperti agen pengendali hayati (263

OTU), dekomposer (371 OTU), dan entomopatogen (100 OTU), juga ditemukan tetapi pada tingkat yang lebih rendah dibandingkan monokultur.



**Gambar 2.3.** Diagram Sankey yang memvisualisasikan spesies mikroba dalam sampel tanah. Lebar panah menunjukkan nilai kuantitas pada monokultur (A) dan polikultur (B)

**Tabel 2.5.** Fungsi dan jumlah kelimpahan cendawan rizosfer pada sampel monokultur dan polikultur

Fungsi	Monokultur		Polikultur	
	Abundan (OTUs)	Relatif Abundan (%)	Abundan (OTUs)	Relatif Abundan (%)
AMF ( <i>Aburizal Mycorhizal Fungi</i> )	222	2.33	49	0.10
<b>Patogen Hewan</b>	159	1.67	3	0.01
Antiviral	1	0.01	-	0.00
Assimilat nitrat	1	0.01	-	0.00
Biokimia dan biofuel	2	0.02	-	0.00
<b>Biokontrol dan ISR</b>	3,079	32.37	70	0.15
Biodegradasi	34	0.36	2	0.00
Bioindikator untuk logam berat	1	0.01	-	0.00
Jamur penghancur	17	0.18	8	0.02
Dekomposer	622	6.54	386	0.80
Toleran kekeringan	2	0.02	-	0.00
<i>Edible Mushroom</i>	369	3.88	53	0.11
Endofit	442	4.65	9,303	19.30
Entomopatogen	206	2.17	103	0.21
Epifit	17	0.18	189	0.39
Ekstraksi asam humat (HA) dan asam fulfat (FA)	4	0.04	1	0.00
Toleran logam berat	-	0.00	1	0.00
Herbisidal	-	0.00	1	0.00
<b>Patogen manusia</b>	187	1.97	92	0.19
Nematisida	11	0.12	1	
Penyedia Nitrogen	4	0.04	-	
Industri Farmasi dan Bioteknologi	47	0.49	8	0.02
<b>PGPF</b>	246	2.59	56	0.12
Fotosintizer	2	0.02	1	0.00
Penyedia Fospor	37	0.39	-	0.00
<b>Patogen tanaman</b>	850	8.94	593	1.52
Remediasi	588	6.18	1,922	3.99
Toleran Salinitas	43	0.45	6	0.01
Saprofit	2,316	24.35	26,132	54.21
Jamur Beracun	3	0.03	29	0.06
<b>Total</b>	<b>9,512</b>	<b>100.00</b>	<b>39,009</b>	<b>100.00</b>

#### 1.4.5. Kelimpahan relatif komunitas mikroba

Kelimpahan relatif mikrobiota berdasarkan takson seperti yang ditampilkan pada taksa dalam monokultur dan polikultur pada **Gambar 2.4** menggambarkan kelimpahan relatif untuk sampel monokultur dan polikultur pada tingkat filum, kelas, famili, dan spesies yang menyoroti perbedaan komposisi pada Eukariotik.

**Tabel 2.6.** Kelimpahan relatif cendawan rizosfer berdasarkan taksa pada monokultur dan polikultur

<b>Filum</b>		<b>Monokultur(%)</b>	<b>Polikultur(%)</b>
Ascomycota		72	34
Basidiomycota		7	1
Blastocladiomycota		0	0
Chytridiomycota		18	65
Cryptomycota		0	0
Mucoromycota		1	0
Zoopagomycota		2	0
<b>Kelas</b>		<b>Monokultur(%)</b>	<b>Polikultur(%)</b>
Agaricomycetes		5	1
Chytridiomycetes		18	66
Dothideomycetes		12	1
Eurotiomycetes		40	1
Kickxellomycetes		2	0
Lecanoromycetes		1	0
Leotiomycetes		7	30
Pezizomycetes		1	0
Saccharomycetes		2	0
Sordariomycetes		11	1
Others		2	0
<b>Famili</b>		<b>Monokultur(%)</b>	<b>Polyculture (%)</b>
Aspergillaceae		54	1
Chytridiaceae		0	16
Discinellaceae		7	3
Inocybaceae		4	0
Leptosphaeriaceae		0	1
Nectriaceae		6	0
Others		3	0
Rhizoglyphaceae		0	28
Spizellomycetaceae		17	51
Thyridariaceae		7	0
<b>Spesies</b>		<b>Monokultur(%)</b>	<b>Polikultur(%)</b>
<i>Aspergillus</i>	sp.	5	0
<i>Aspergillus</i>	<i>floccosus</i>	10	0
<i>Cladochasiella</i>	<i>divergens</i>	10	3
<i>Coccomyces</i>	<i>fagicola</i>	0	29
<i>Penicillium</i>	<i>raperi</i>	52	0
<i>Phlyctochytrium</i>	<i>californicum</i>	0	16
<i>Spizellomyces</i>	sp.	2	35
<i>Spizellomyces</i>	<i>acuminatus</i>	12	0
<i>Spizellomyces</i>	<i>plurigibbosus</i>	3	16
Others		5	0

Dalam sistem monokultur, Ascomycota merupakan filum yang dominan, mencakup 72% dari total komunitas cendawan, diikuti oleh Chytridiomycota sebesar 18% dan Basidiomycota sebesar 7%. Nilai-nilai ini berbeda secara signifikan ( $p > 0,05$ ) dari sistem polikultur, yang didominasi oleh Chytridiomycota dengan 65% dari komunitas cendawan, sementara Ascomycota menyumbang 34% dan Basidiomycota hanya 1% (**Tabel 2.6**).

Kelimpahan relatif pada taxa kelas yang dominan pada sistem polikultur meliputi Chytridiomycetes (66%) dan Leotiomycetes (30%); sebaliknya, pada monokultur,

komposisi berbeda, didominasi oleh Eurotiomycetes (40%), Chytridiomycetes (18%), dan Dothideomycetes (12%).

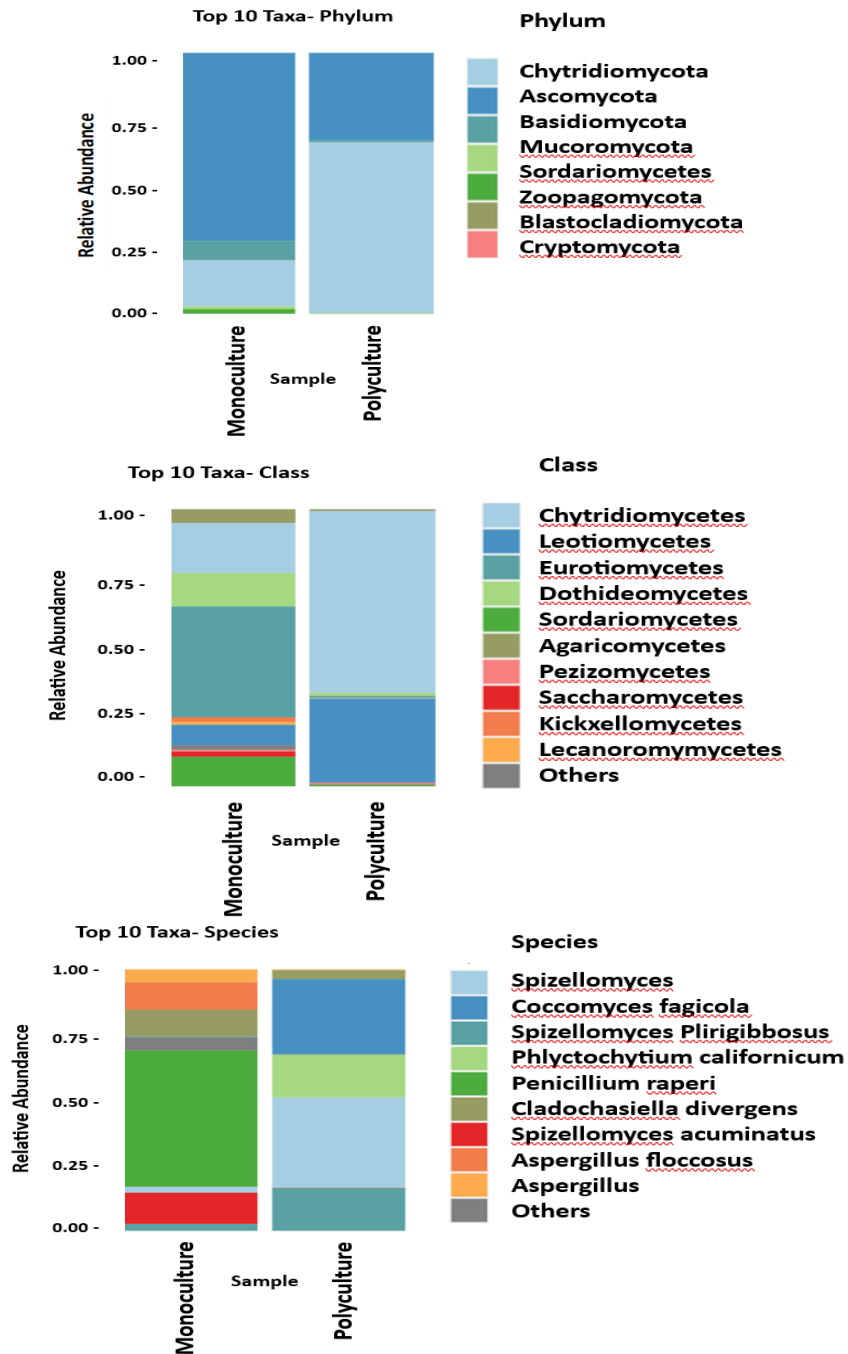
Dalam kelimpahan pada famili, terdapat Aspergillaceae sebanyak 54% dari total keberadaan cendawan pada sistem monokultur. Sebaliknya, pada polikultur didominasi oleh Spizellomycetaceae (51%).

Dalam analisis spesies, pada monokultur didominasi oleh *Penicillium raperi* dengan kelimpahan relatif sebesar 52%, diikuti oleh *Spizellomyces acuminatus* sebesar 12%, serta *Aspergillus floccosus* dan *Cladochasiella divergens* masing-masing sebesar 10%. Komposisi spesies yang berbeda pada polikultur dimana *Spizellomyces* sp. memiliki kelimpahan sebesar 35%, diikuti oleh *Coccomyces fagicola* sebesar 29%, dan *Phlyctochytrium californicum* sebesar 16%. Analisis statistik menunjukkan bahwa perbedaan komposisi cendawan ini tidak signifikan ( $p > 0,05$ ).

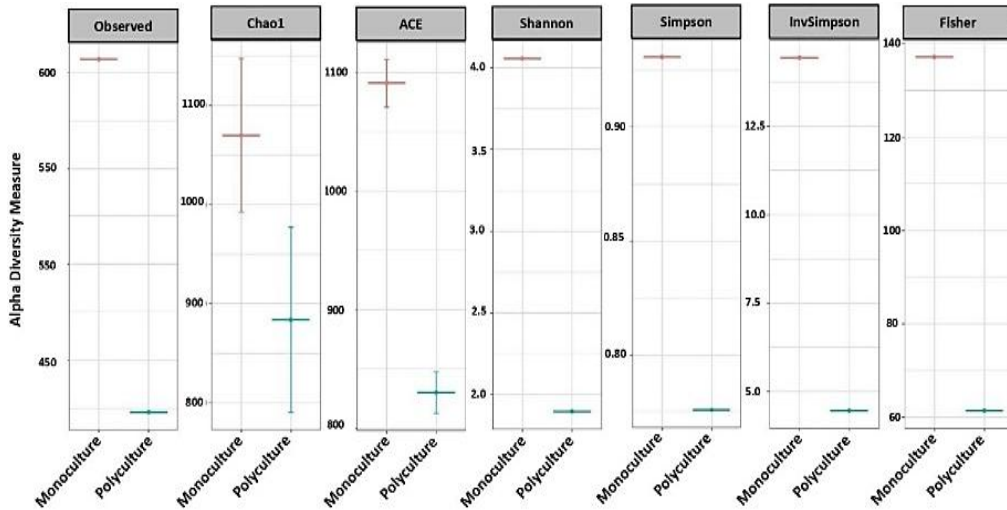
#### 1.4.6. Indeks keragaman alfa

Analisis terhadap indeks keragaman alfa, pada indeks Observed, Chao1, ACE, Shannon, Simpson, InvSimpson, dan Fisher, menunjukkan nilai keragaman cendawan di rizosfer antara sampel monokultur dan polikultur (**Tabel 2.7**), dimana tingkat keragaman alfa lebih tinggi pada sampel monokultur dibandingkan sampel polikultur, sebagaimana diperlihatkan pada **Gambar 2.5**.

Indeks yang mencerminkan kekayaan spesies, yaitu Observed, Chao1, dan ACE, secara konsisten menunjukkan kekayaan yang lebih besar atau dominasi pada monokultur dibandingkan dengan polikultur. Nilai Shannon dan Simpson yang lebih tinggi pada monokultur menunjukkan keragaman dan pemerataan komunitas cendawan yang lebih besar. Fisher's alpha menegaskan bahwa kompleksitas komunitas cendawan tanah lebih tinggi pada monokultur dibandingkan dengan polikultur.



**Gambar 2.4.** Kelimpahan relatif mikrobiota pada sampel monokultur dan polikultur pada tingkat Filum, Kelas dan Spesies pada Monokultur dan Polikultur



**Gambar 2.5.** Indeks keragaman alfa dari sampel monokultur dan polikultur

**Tabel 2.7.** Skala kategori indeks keragaman cendawan rizosfer pada pola tanam yang berbeda

Indeks Keragaman	Skala Kategori		
	Acuan umum	Monokultur	Polikultur
Observed OTUs	Relatif antar perlakuan	607 – Tinggi	423 – Sedang
Chao1	Relatif antar perlakuan	1069.82 – Tinggi	883.78 – Sedang
ACE	Relatif antar perlakuan	1091.04 – Tinggi	830.16 – Sedang
Shannon (H')	<ul style="list-style-type: none"> <li>&lt;1.5 Rendah;</li> <li>1.5–3.0 Sedang;</li> <li>&gt;3.0 Tinggi</li> </ul>	4.06 – Tinggi	1.89 – Sedang
Simpson (D)	<ul style="list-style-type: none"> <li>&lt;0.50 Rendah;</li> <li>0.50–0.75 Sedang;</li> <li>&gt;0.75 Tinggi</li> </ul>	0.93 – Tinggi	0.78 – Tinggi
Inverse Simpson (1/D)	<ul style="list-style-type: none"> <li>&lt;5 Rendah;</li> <li>5–10 Sedang;</li> <li>&gt;10 Tinggi</li> </ul>	14.43 – Tinggi	4.46 – Rendah
Fisher's α	<ul style="list-style-type: none"> <li>&lt;20 Rendah;</li> <li>20–100 Sedang;</li> <li>&gt;100 Tinggi</li> </ul>	137.14 – Tinggi	61.39 – Sedang

### 1.5. Pembahasan

Pola budidaya yang berbeda yaitu polikultur dan monokultur menunjukkan bahwa keragaman tanaman berpengaruh positif terhadap kelimpahan cendawan rizosfer, semakin tinggi keragaman tanaman maka kelimpahan cendawan juga semakin tinggi (Yang et al., 2025). Analisis metagenomik mengungkapkan bahwa sistem monokultur mengurangi kelimpahan jumlah cendawan dan fungsionalnya karena terbatasnya variasi

eksudat atau metabolit akar yang dihasilkan oleh satu spesies tanaman, sehingga mempengaruhi interaksi antara tanaman dan mikroba.

Kelimpahan cendawan rizosfer dipengaruhi oleh exudat akar yang berupa sumber nutrisi (metabolit primer) (Alattas et al., 2024) terdiri dari karbon (5–30% dari fotosintat) seperti asam amino, gula, yang berfungsi sebagai nutrisi dan molekul pemberi sinyal bagi mikroba menjadi penyebab tingginya keragaman mikroorganisme yang berasosiasi dengan sistem perakaran (Ditta & Ullah, 2023; S. Singh et al., 2025). Eksudat akar juga terdiri dari metabolit sekunder seperti flavonoid, kumarin, oksilipin, alanine, chitinase, asam sitrat, asam suksinat dan senyawa volatil organik yang memediasi interaksi biokimia, secara selektif merekrut mikroba bermanfaat dan membentuk komunitas rizosfer (Alattas et al., 2024; Araujo et al., 2025; Dwivedi et al., 2025).

Perbedaan kelimpahan cendawan rizosfer juga dipengaruhi oleh kondisi fisiokimia tanah. Kedua sistem pertanian sama-sama memiliki tekstur tanah yang didominasi liat, namun secara khusus, tanah pada sistem polikultur cenderung memiliki fraksi pasir yang lebih tinggi, yang menandakan kapasitas permeabilitas dan aerasi yang lebih besar (Adak & Babu, 2021).

Nilai pH yang diamati menunjukkan kondisi netral pada kedua sistem budidaya (6,76 dan 6,58). Hal ini menunjukkan bahwa kedua sistem menguntungkan aktivitas mikroba maupun akar pada umumnya, karena masih berada pada kisaran pH optimal untuk ketersediaan unsur hara tanah. pH yang lebih rendah pada sistem polikultur dapat disebabkan oleh meningkatnya aktivitas biologis dan input organik, yang seringkali menghasilkan pengasaman ringan melalui produksi asam organik (Liu et al., 2022; Zhang et al., 2023).

Sistem polikultur menunjukkan kandungan karbon tanah yang lebih tinggi (2,72%) dibandingkan dengan monokultur (2,61%), yang kemungkinan disebabkan oleh masukan bahan organik yang lebih beragam melalui guguran daun dan pergantian akar. Sebaliknya, kandungan nitrogen yang lebih tinggi pada monokultur (0,25% vs. 0,21%) diduga berkaitan dengan praktik pemupukan nitrogen yang lebih intensif. Perbedaan distribusi karbon dan nitrogen ini mencerminkan variasi laju dekomposisi mikroba dan dinamika siklus hara antarsistem budidaya. Sesuai dengan kerangka stoikiometri Yeung et al. (2025), keterbatasan nitrogen pada polikultur dapat meningkatkan efisiensi penggunaan karbon oleh mikroba dan memperlambat mineralisasi nitrogen, sehingga mendorong akumulasi karbon organik tanah.

Perbedaan sifat kimia tanah antara sistem monokultur dan polikultur mencerminkan dinamika siklus hara yang dipengaruhi oleh praktik pengelolaan yang berbeda. Rasio karbon terhadap nitrogen (C/N) yang lebih tinggi pada sistem polikultur (13) dibandingkan dengan monokultur (11) menunjukkan akumulasi karbon organik yang lebih baik serta mineralisasi nitrogen yang lebih terkendali. Laju dekomposisi dikendalikan oleh rasio C/N substrat, di mana keterbatasan nitrogen pada C/N yang relatif lebih tinggi dapat memperlambat dekomposisi secara moderat, sehingga mendukung penyimpanan karbon tanah. Hal ini sejalan dengan lebih tingginya kelimpahan pada cendawan dengan fungsi saprofit dan dekomposer.

Kadar fosfor tersedia lebih tinggi pada sistem monokultur (15,35 ppm) dibandingkan dengan polikultur (12,25 ppm), serta kadar kalsium, magnesium, dan kalium yang relatif lebih besar, menunjukkan tingginya ketersediaan hara akibat input pupuk dan

keseragaman tanaman. Namun, kondisi ini juga mengindikasikan berkurangnya siklus hara yang terjadi, karena rendahnya keragaman tanaman membatasi interaksi akar–mikroba dan pemanfaatan hara secara optimal, sebagaimana dilaporkan oleh Elouattassi et al. (2023). Sebaliknya, konsentrasi hara yang lebih rendah pada tanah polikultur kemungkinan mencerminkan pengambilan unsur hara yang lebih aktif oleh tanaman serta interaksi yang lebih kompleks antarspesies yang meningkatkan efisiensi siklus hara (Chen et al., 2024).

Kandungan natrium yang sedikit lebih tinggi pada tanah polikultur dibandingkan dengan monokultur dapat mencerminkan aktivitas biologis yang lebih besar dan masukan bahan organik dari berbagai spesies tanaman. Akumulasi natrium secara alami juga terjadi melalui eksudat akar atau amandemen organik (Gupta et al., 2022). Selain itu, indikator lain seperti kation total dan kapasitas tukar kation (KTK) serta kejenuhan basa justru lebih tinggi pada tanah monokultur, menunjukkan bahwa proporsi kation nutrisi dasar ( $\text{Ca}^{2+}$ ,  $\text{Mg}^{2+}$ ,  $\text{K}^+$ ,  $\text{Na}^+$ ) yang tersedia bagi tanaman relatif lebih besar dalam kondisi monokultur. Hal ini sejalan dengan temuan Zhang et al. (2023), yang menyatakan bahwa persentase kejenuhan basa dan kation basa beragam secara signifikan antar tipe penggunaan lahan serta berkaitan dengan tingkat kesuburan tanah. Secara keseluruhan, data ini menunjukkan bahwa sistem monokultur mempertahankan ketersediaan nutrisi yang lebih tinggi dalam jangka pendek, sementara sistem polikultur, meskipun menunjukkan nilai beberapa indikator kimia kesuburan yang lebih rendah, cenderung lebih menunjukkan proses ekologis dan interaksi tanaman–mikroba untuk siklus hara tanah yang berkelanjutan.

Cendawan rizosfer yang diperoleh dari hasil metagenomik menunjukkan beberapa fungsi, baik yang patogenik maupun nonpatogenik, yang memengaruhi tumbuhan, hewan, dan manusia. Sebagai organisme nonpatogenik, cendawan rizosfer umumnya berperan sebagai saprofit, endofit, agen pengendali hayati, dekomposer, remediator, dan pemacu pertumbuhan tanaman, yang semuanya berkontribusi positif terhadap pertumbuhan tanaman dan kesehatan ekosistem.

Sebagai saprofit, cendawan ini menguraikan sisa-sisa tumbuhan atau tanaman mati, menggunakannya sebagai sumber karbon untuk metabolisme mereka. Beberapa cendawan saprofit antara lain *Conocybe incerta*, *Erioscypella alba*, dan *Paraloratospora gahniae* (Bakhit & Abdel-Wahab, 2025; Le et al., 2025).

Cendawan endofit hidup di dalam tumbuhan tanpa menyebabkan kerusakan, menetap pada inang yang tampak sehat dan tidak menunjukkan gejala, memiliki kemampuan untuk memproduksi senyawa bioaktif (Nisa et al., 2015; Sharaf et al., 2022). Spesies endofitik yang diantaranya *Nigrograna hydei*, *Chaetomium nigricolor*, dan *Acrocalymma cycadis* (Digra & Nonzom, 2023; Farhat et al., 2023).

Cendawan agen biokontrol mengendalikan fitopatogen melalui berbagai mekanisme, termasuk kompetisi ruang dan nutrisi, perebutan sumber daya, parasitisme, produksi senyawa antimikroba yang larut dan volatil, serta induksi resistensi sistemik pada inang (Wu et al., 2025). Contoh cendawan biokontrol antara lain *Acrophialophora jodhpurensis*, *Agaricus bisporus*, *Aspergillus fumigatus*, *Penicillium raperi*, dan spesies dari *Trichoderma* ((Daroodi & Taheri, 2024; Hu et al., 2024; Hussein & Owied, 2024; Ketta & Hewedy, 2021; Lichtner et al., 2022; Loc et al., 2020; Mallikharjuna Rao et al., 2016; Maruyama et al., 2020; Mukherjee et al., 2022).

Biodekomposer mempercepat ketersediaan hara dengan mempercepat dekomposisi bahan organik tanah, meningkatkan aliran karbon, dan mendukung jejaring makanan, yang secara kolektif meningkatkan performa pertumbuhan tanaman (Franco-Duarte et al., 2022; Lasmini et al., 2022). Cendawan biodekomposer yang terkenal antara lain *Aspergillus costaricensis*, *A. iranicus*, *Pluteus albotomentosus*, dan *Trichoderma longipile* (Lei et al., 2022; Makhloufi et al., 2023; Organo et al., 2022; Sarangi et al., 2021).

Bioremediasi adalah teknik yang efektif untuk membersihkan polusi dengan meningkatkan proses biodegradasi alami (Kour et al., 2021). Contoh cendawan yang terlibat dalam bioremediasi meliputi *Moniliella suaveolens* dan *Trichoderma erinaceum* (Ching et al., 2016; Jaklitsch & Voglmayr, 2010).

Cendawan pemacu pertumbuhan tanaman (PGPF) meningkatkan perkembangan dan pertumbuhan tanaman mulai dari perkecambahan hingga dewasa. Mereka berkontribusi pada peningkatan hasil panen, kualitas tanaman yang lebih baik, penyerapan nutrisi yang lebih optimal, serta toleransi yang lebih tinggi terhadap stres abiotik (Tarrowm et al., 2021). Contoh PGPF adalah *Trichoderma asperellum* (Rosmana et al., 2023; Wonglom et al., 2020) dan *Penicillium dierckxii* (Shubakov & Elkina, 2002).

Cendawan merugikan juga dijumpai pada kedua sampel dimana terdapat peran sebagai patogen tanaman, hewan dan manusia yang didominasi pada sampel monokultur seperti genus *Aspergillus*, *Fusarium* dan *Curvularia* sebagai patogen tanaman, *Aspergillus caninus*, *Batrachochytrium* dan *Dactylodendron pinicola* sebagai patogen hewan, *Arthrographis kalrae*, *Aspergillus nomiae*, *Candida tunisiensis* dan *Cutaneotrichosporon cyanovorans* dilaporkan sebagai patogen pada manusia.

Dalam sistem monokultur, Ascomycota merupakan filum yang dominan, mencakup 72% dari total komunitas cendawan, diikuti oleh Chytridiomycota sebesar 18% dan Basidiomycota sebesar 7% dari sistem polikultur, yang didominasi oleh Chytridiomycota dengan 65% dari komunitas cendawan, sementara Ascomycota menyumbang 34% dan Basidiomycota hanya 1% (Tabel 2.6). Pola serupa juga diamati pada rizosfer tanaman mentimun di bawah berbagai sistem rotasi tanaman (Zhang et al., 2023). Hussain et al. (2024) mengungkapkan bahwa komunitas cendawan di rizosfer tanaman kedelai terutama terdiri dari Ascomycota (78,64%), Basidiomycota (10,33%), dan Mortierellomycota (4,74%). Selain itu, komunitas cendawan di lahan yang diirrigasi dan dipupuk menunjukkan kelimpahan relatif yang bervariasi pada berbagai filum, dengan Ascomycota berkisar antara 30,37% hingga 66,32%, Basidiomycota dari 15,06% hingga 35,94%, Mucoromycota dari 13,29% hingga 21,89%, Zoopagomycota dari 2,27% hingga 9,27%, dan Chytridiomycota dari 1,00% hingga 4,24% (Huo et al., 2024).

Taxa kelas dominan yang dihasilkan juga sejalan dengan Akinola et al. (2021) yang melaporkan bahwa analisis metagenomik cendawan pada rizosfer jagung mengidentifikasi persentase tinggi dari kelas seperti Sordariomycetes (0,15–0,31%), Eurotiomycetes (0,06–0,09%), Leotiomycetes (0,01–0,02%), dan Saccharomycetes (0,01%), serta kelompok arkea yang mencakup Thaumarchaeota (0,19–0,36%), Crenarchaeota (0,07–0,08%), dan Euryarchaeota (0,02–0,03%). Sebagian besar spesies dari kelompok-kelompok ini berkontribusi positif pada pertumbuhan tanaman dengan menghasilkan fitohormon, enzim deaminase, agen antimikroba, dan siderofor yang menghambat patogen tanaman. Dominasi kelompok cendawan tertentu pada sistem polikultur menunjukkan daur ulang nutrisi yang lebih aktif dan interaksi tanaman-

tanah yang lebih sehat, yang kemungkinan didukung oleh keberagaman spesies tanaman yang ada. Sebaliknya, kelimpahan kelompok cendawan tertentu pada sistem monokultur menunjukkan respons adaptif terhadap praktik budidaya yang homogen, seperti penanaman tanaman secara berulang dan penggunaan input hara yang tinggi (H. Li et al., 2022). Sementara itu, sistem polikultur mampu menciptakan lingkungan tanah yang lebih mendukung keseimbangan komunitas cendawan, sehingga berkontribusi pada peningkatan ketahanan tanah dan kesehatan tanaman.

Dominasi yang sangat besar dari satu taksa famili cendawan pada monokultur menunjukkan lingkungan mikroba yang kurang seimbang, kemungkinan dibentuk oleh pola tanam ulang yang terus-menerus dan ketersediaan sumber daya yang seragam. Sebaliknya, keberadaan famili cendawan yang lebih beragam dan terdistribusi lebih merata pada sistem polikultur mencerminkan ekosistem tanah yang lebih kaya dan lebih bervariasi secara fungsional, hal ini didukung oleh kompleksitas spesies tanaman dan interaksi akar (Arafat et al., 2019). Keberadaan beberapa famili tertentu pada polikultur juga menunjukkan bahwa keberagaman tanaman dapat menciptakan relung ekologi unik yang mendukung lebih banyak jenis cendawan yang bermanfaat, sehingga berpotensi meningkatkan kesehatan tanah, siklus nutrisi, dan ketahanan terhadap patogen.

Spesies *Penicillium raperi* dominan pada monokultur. Spesies ini terkenal karena kemampuannya dalam mendukung pertumbuhan tanaman dan beradaptasi secara efektif di rizosfer (Lichtner et al., 2022; Mirsam et al., 2022). Spesies *Spizellomyces* sp. dominan pada polikultur. Namun, beberapa spesies lain yang potensial juga ditemukan pada kedua pola budidaya, seperti *Chaetomium* dan *Trichoderma* spp. telah didokumentasikan sebagai antagonis penyakit tanaman sekaligus meningkatkan kesehatan dan pertumbuhan tanaman (Gorguette et al., 2024).

Hasil metrik  $\alpha$ -diversity pada penelitian ini berbeda pada kedua pola budidaya, sejalan dengan temuan Hussain et al. (2024) bahwa indeks keragaman berbeda antara komunitas cendawan pada tanah rizosfer di berbagai gradien ketinggian. Demikian pula, analisis metagenomik terhadap mikrobiota rizosfer Eukaliptus di bawah perlakuan irigasi dan pemupukan menunjukkan perbedaan tidak signifikan pada indeks diversitas ACE dan Shannon (Huo et al., 2024). Sementara itu Liu et al. (2022) menemukan diversitas Shannon yang secara signifikan lebih tinggi pada sistem tumpangsari dibandingkan dengan monokultur, menunjukkan bahwa tumpangsari dapat meningkatkan diversitas mikroba dengan meningkatkan kompleksitas ekologi. Namun, berdasarkan indeks keragaman, monokultur memiliki indeks keragaman yang lebih tinggi dibandingkan polikultur. Hal ini menunjukkan kekayaan atau dominasi dan kelimpahan suatu taksa pada monokultur lebih tinggi dibandingkan dengan polikultur.

Perbedaan keragaman alfa juga dipengaruhi oleh kandungan fosfor, KTK dan unsur mikro lainnya di dalam tanah. Pada monokultur, keragaman alfa lebih tinggi sejalan dengan kandungan fosfor, KTK dan hara mikro yang lebih tinggi dibandingkan dengan polikultur. Beberapa faktor yang memengaruhi keragaman alfa adalah fisiokimia tanah, terutama pH dan fosfor memiliki pengaruh yang kuat dalam membentuk perbedaan fungsional di dalam komunitas cendawan rizosfer (Liu et al., 2022; Zhang et al., 2023). Parameter tanah seperti pH, salinitas, kelembapan, dan suhu berkaitan dengan kelimpahan spesies, keragaman filogenetik, dan variasi fungsional dalam komunitas mikroba (Hussain et al., 2024; Lian et al., 2024).

## 1.6. Kesimpulan

Penelitian ini mengidentifikasi gen penanda yang terkait dengan jumlah mikroba, kelimpahan relatif, dan keragaman alfa pada komunitas cendawan rizosfer.

1. Jumlah kelimpahan individu cendawan lebih tinggi pada polikultur dibandingkan pada monokultur
2. Nilai kelimpahan relatif menunjukkan adanya dominasi pada monokultur di setiap taksa dibandingkan pada polikultur
3. Tingkat keanekaragaman alfa pada kedua sampel menunjukkan keragaman sedang hingga tinggi, yang mengindikasikan ekosistem mikroba yang kompleks.

## 1.7. Rekomendasi

Berdasarkan hasil penelitian yang menunjukkan perbedaan komposisi dan keragaman mikroorganisme rizosfer antar sistem budidaya, serta peran penting mikroba menguntungkan dalam meningkatkan kesehatan dan ketahanan tanaman, maka direkomendasikan hal sebagai berikut:

1. Menggunakan penerapan sistem budidaya beragam (polikultur atau rotasi tanaman) dan mengurangi praktik monokultur untuk meningkatkan keanekaragaman mikroba rizosfer.
2. Pengelolaan dan penambahan serasah atau bahan organik perlu diprioritaskan untuk meningkatkan ketersediaan nutrisi mineral dan mendukung perkembangan mikroorganisme menguntungkan.
3. Penggunaan pupuk dan pestisida kimia perlu dikendalikan agar tidak mengganggu keseimbangan komunitas mikroba tanah.
4. Pendekatan pertanian berkelanjutan yang mengintegrasikan input organik dan hayati direkomendasikan untuk menjaga fungsi mikrobioma rizosfer.
5. Penelitian selanjutnya perlu melakukan analisis pada phylum Oomycota, kingdom Chromista, untuk melihat kelimpahan patogen pada rizosfer dan filosfer.
6. Analisis difokuskan pada gen fungsional mikrobioma, guna memahami bagaimana fungsi mikrobioma pada tanaman.

## 1.8. Keterbatasan penelitian

Penelitian ini memiliki beberapa keterbatasan dalam menafsirkan hasil yang diperoleh dimana analisis komunitas mikroba dilakukan berdasarkan pendekatan metagenomik berbasis sekuens gen penanda, sehingga informasi yang dihasilkan terutama bersifat taksonomi dan belum sepenuhnya mencerminkan fungsi mikroorganisme di rizosfer.

Keterbatasan kedua adalah bahwa pengambilan sampel dilakukan pada satu periode pertumbuhan tanaman dan satu lokasi penelitian, sehingga variasi temporal dan spasial komunitas mikroba rizosfer belum dapat terwakili secara menyeluruh.

Ketiga, penelitian ini belum mengkaji secara langsung interaksi fungsional antara mikroorganisme rizosfer dengan tanaman inang, termasuk mekanisme spesifik dalam

penekanan patogen, peningkatan ketersediaan hara, maupun induksi ketahanan tanaman.

Keempat, faktor biotik lain seperti bakteri, fauna tanah, serta interaksi antarmikroba belum dianalisis secara terintegrasi, sehingga dinamika mikrobioma rizosfer secara keseluruhan belum sepenuhnya tergambarkan.

Oleh karena itu, hasil penelitian ini masih memerlukan verifikasi lebih lanjut melalui studi jangka panjang, multi-lokasi, serta pendekatan eksperimental dan fungsional untuk memperoleh pemahaman yang lebih komprehensif mengenai peran mikrobioma rizosfer dalam mendukung kesehatan dan produktivitas tanaman.

### 1.9. Daftar Pustaka

- Adak, T., & Babu, N. (2021). Soil and air permeability - A key factor for soil processes and productivity. *Current Advances in Agricultural Sciences(An International Journal)*, 13(1), 13–18. <https://doi.org/10.5958/2394-4471.2021.00003.4>
- Akinola, S. A., Ayangbenro, A. S., & Babalola, O. O. (2021). The diverse functional genes of maize rhizosphere microbiota assessed using shotgun metagenomics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 101(8), 3193–3201. <https://doi.org/10.1002/jsfa.10948>
- Alattas, H., Glick, B. R., Murphy, D. V., & Scott, C. (2024). Harnessing *Pseudomonas* spp. for sustainable plant crop protection. *Frontiers in Microbiology*, 15. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1485197>
- Arafat, Y., Tayyab, M., Khan, M. U., Chen, T., Amjad, H., Awais, S., Lin, X., Lin, W., & Lin, S. (2019). Long-Term monoculture negatively regulates fungal community composition and abundance of *Tea Orchards*. *Agronomy*, 9(8), 466. <https://doi.org/10.3390/agronomy9080466>
- Araujo, A. S. F., Pereira, A. P. A., de Medeiros, E. V., & Mendes, L. W. (2025). Root-driven microbiome memory enhances plant disease resistance. *Trends in Plant Science*. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tplants.2025.12.002>
- Azevedo-Silva, D., Rasmussen, J. A., Carneiro, M., Gilbert, M. T. P., & Azevedo, H. (2021). Feasibility of applying shotgun metagenomic analyses to grapevine leaf, rhizosphere and soil microbiome characterisation. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 27(4), 519–526. <https://doi.org/10.1111/ajgw.12508>
- Babalola, O. O., & Enagbonma, B. J. (2024). Dataset of amplicon metagenomic assessment of barley rhizosphere bacteria under different fertilization regimes. *Data in Brief*, 52, 109920. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2023.109920>
- Badan Meteorologi, & Klimatologi, dan G. (2024). Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika. <https://www.bmkg.go.id/>
- Bakhit, M. S., & Abdel-Wahab, M. A. (2025). *Paraloratospora edkuensis* sp. nov. (Ascomycota, Phaeosphaeriaceae) from the brackish Lake Edku, Egypt. *Botanica Marina*, 68(2), 143–153. <https://doi.org/10.1515/bot-2024-0084>
- Chen, Q. L., Hu, H. W., He, Z. Y., Cui, L., Zhu, Y. G., & He, J. Z. (2021). Potential of indigenous crop microbiomes for sustainable agriculture. In *Nature Food* (Vol. 2, Issue 4, pp. 233–240). <https://doi.org/10.1038/s43016-021-00253-5>

- Chen, Q., Song, Y., An, Y., Lu, Y., & Zhong, G. (2024). Soil microorganisms: Their role in enhancing crop nutrition and health. *Diversity*, 16(12), 734. <https://doi.org/10.3390/d16120734>
- Cheng, X., Jiang, L., Liu, W., Song, X., Kumpiene, J., & Luo, C. (2024). Phytoremediation of trichloroethylene in the soil/groundwater environment: Progress, problems, and potential. *Science of The Total Environment*, 954, 176566. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176566>
- Cheng, Z., He, Y., Wang, Y., Yang, X., Chen, J., Wu, L., Xu, J., & Shi, J. (2024). Interactive dynamics between rhizosphere bacterial and viral communities facilitate soybean fitness to cadmium stress revealed by time-series metagenomics. *Soil Biology and Biochemistry*, 190(June 2023), 109313. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2024.109313>
- Ching, T. H., Yoza, B. A., Wang, R., Masutani, S., Donachie, S., Hihara, L., & Li, Q. X. (2016). Biodegradation of biodiesel and microbiologically induced corrosion of 1018 steel by *Moniliella wahieum* Y12. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 108, 122–126. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.11.027>
- Chouhan, U., Gamad, U., & Choudhari, J. K. (2023). Metagenomic analysis of soybean endosphere microbiome to reveal signatures of microbes for health and disease. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 21(1), 84. <https://doi.org/10.1186/s43141-023-00535-4>
- Chukwuneme, C. F., Ayangbenro, A. S., Babalola, O. O., & Raphael Kutu, F. (2021). Functional diversity of microbial communities in two contrasting maize rhizosphere soils. *Rhizosphere*, 17. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2020.100282>
- Daroodi, Z., & Taheri, P. (2024). The genus *Acrophialophora*: History, phylogeny, morphology, beneficial effects and pathogenicity. *Fungal Genetics and Biology*, 171(January). <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2024.103875>
- De Coster, W., D'Hert, S., Schultz, D. T., Cruts, M., & Van Broeckhoven, C. (2018). NanoPack: Visualizing and processing long-read sequencing data. *Bioinformatics*, 34(15), 2666–2669. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty149>
- Digra, S., & Nonzom, S. (2023). New record of novel endophyte *Nigrograna hydei* from the Northern Himalayas, India. *Czech Mycology*, 75(2), 105–115. <https://doi.org/10.33585/cmy.75201>
- Ding, H., Ali, A., & Cheng, Z. (2020). Effect of green garlic/cucumber crop rotation for 3 years on the dynamics of soil properties and cucumber yield in Chinese anthrosol. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 100(1), 362–370. <https://doi.org/10.1002/jsfa.10050>
- Ditta, A., & Ullah, N. (2023). Chapter 15 - Perspectives of using plant growth-promoting rhizobacteria under salinity stress for sustainable crop production. In M. Ghorbanpour & M. Adnan Shahid (Eds.), *Plant Stress Mitigators* (pp. 231–247). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89871-3.00024-0>
- Diwan, D., Rashid, M. M., & Vaishnav, A. (2022). Current understanding of plant-microbe interaction through the lenses of multi-omics approaches and their benefits in

- sustainable agriculture. *Microbiological Research*, 265(September), 127180. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127180>
- Dwivedi, S. L., Vetukuri, R. R., Kelbessa, B. G., Gepts, P., Heslop-Harrison, P., Araujo, A. S. F., Sharma, S., & Ortiz, R. (2025). Exploitation of rhizosphere microbiome biodiversity in plant breeding. *Trends in Plant Science*, 30(9), 1033–1045. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2025.04.004>
- Elouattassi, Y., Ferioun, M., El Ghachtouli, N., Derraz, K., & Rachidi, F. (2023). Agroecological concepts and alternatives to the problems of contemporary agriculture: Monoculture and chemical fertilization in the context of climate change. *Journal of Agriculture and Environment for International Development (JAEID)*, 117(2), 41–98. <https://doi.org/10.36253/jaeid-14672>
- FAO. (2023). *Food and Agriculture Organisation of the United States*. <http://www.fao.org/faostat/en/#data>
- Farhat, H., Urooj, F., Sohail, N., Ullah, S., & Ali, M. S. (2023). Plant disease management with amelioration of systemic resistance in soybean by endophytic fungi associated with GC-MS metabolic profiling of *Chaetomium* sp. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 126, 102049. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2023.102049>
- Franco-Duarte, R., Fernandes, I., Gulis, V., Cássio, F., & Pascoal, C. (2022). ITS rDNA barcodes clarify molecular diversity of aquatic hyphomycetes. *Microorganisms*, 10(8). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10081569>
- Gao, Z., Han, M., Hu, Y., Li, Z., Liu, C., Wang, X., Tian, Q., Jiao, W., Hu, J., Liu, L., Guan, Z., & Ma, Z. (2019). Effects of continuous cropping of sweet potato on the fungal community structure in rhizospheric soil. *Frontiers in Microbiology*, 10 (October). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02269>
- Gorguette, R. M.-P., Silva, C. S. da, Souza, T. M., & Pereira, J. (2024). New reports of species of *Chaetomium* and *Humicola* to Bahia state and Brazil. *Rodriguésia*, 75. <https://doi.org/10.1590/2175-7860202475078>
- Gupta, A. K., Verma, J., Srivastava, A., Srivastava, S., & Prasad, V. (2022). *Pseudomonas aeruginosa* isolate PM1 effectively controls virus infection and promotes growth in plants. *Archives of Microbiology*, 204(8). <https://doi.org/10.1007/s00203-022-03105-3>
- Hartman, K., van der Heijden, M. G. A., Wittwer, R. A., Banerjee, S., Walser, J. C., & Schlaeppli, K. (2018). Cropping practices manipulate abundance patterns of root and soil microbiome members paving the way to smart farming. *Microbiome*, 6(1). <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0389-9>
- Hu, L., Tan, X., Lu, L., Meng, X., Li, Y., & Yao, H. (2024). DNA-SIP delineates unique microbial communities in the rhizosphere of the hyperaccumulator *Sedum alfredii* which are beneficial to Cd phytoextraction. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 272(April 2023), 116016. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2024.116016>
- Huo, C., Zhang, J., Yang, X., Li, X., Su, Y., & Chen, Z. (2024). Dry season irrigation promotes nutrient cycling by reorganizing Eucalyptus rhizosphere microbiome. *Science of the Total Environment*, 954(June). <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176307>

- Hussain, M., Kiran, S., Sayed, I., Khazir, J., Maqbool, T., Ibrahim, M., Kaur, S., Mir, B. A., & Rahi, P. (2024). Altitude-dependent influence of *Artemisia brevifolia* on its rhizosphere microbiome in Ladakh region of the Western Himalayas. *Rhizosphere*, *30*(June), 100918. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2024.100918>
- Hussein, F. A. H., & Owied, O. A. R. (2024). Efficiency evaluation of ordinary and nanoscale extracts of *Agaricus bisporus*. on inhibition mycelial growth and aflatoxin production of *Aspergillus flavus* in maize grain. *Journal of Stored Products Research*, *108*(May), 102374. <https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102374>
- Jaklitsch, W., & Voglmayr, H. (2010). *Nectria eustromatica* sp. nov., an exceptional species with a hypocreaceous stroma. *Mycologia*, *103*, 209–218. <https://doi.org/10.3852/10-178>
- Kalivas, A., Ganopoulos, I., Psomopoulos, F., Grigoriadis, I., Xanthopoulou, A., Hatzigiannakis, E., Osathanunkul, M., Tsaftaris, A., & Madesis, P. (2017). Comparative metagenomics reveals alterations in the soil bacterial community driven by N-fertilizer and Amino 16® application in lettuce. *Genomics Data*, *14*, 14–17. <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2017.07.013>
- Kaur, M., Kaur, R., & Sodhi, H. S. (2022). Utilization of omics approaches for underpinning plant-microbe interaction. In *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering: Sustainable Agriculture: Advances in Microbe-based Biostimulants* (pp. 217–242). <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-85577-8.00009-3>
- Kavitha, R., & Umesha, S. (2007). Prevalence of bacterial spot in tomato fields of Karnataka and effect of biological seed treatment on disease incidence. *Crop Protection*, *26*(7), 991–997. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2006.09.007>
- Ketta, H. A., & Hewedy, O. A. E. R. (2021). Biological control of *Phaseolus vulgaris* and *Pisum sativum* root rot disease using *Trichoderma* species. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, *31*(1). <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00441-2>
- Kim, D., Song, L., Breitwieser, F. P., & Salzberg, S. L. (2016). Centrifuge: Rapid and sensitive classification of metagenomic sequences. *Genome Research*, *26*(12), 1721–1729. <https://doi.org/10.1101/gr.210641.116>
- Koordinator POPT PH Kabupaten Jeneponto. (2025). Laporan monitoring organisme pengganggu tanaman dan perubahan iklim tahun 2025. Dinas Pertanian Kabupaten Jeneponto.
- Kour, D., Kaur, T., Devi, R., Yadav, A., Singh, M., Joshi, D., Singh, J., Suyal, D. C., Kumar, A., Rajput, V. D., Yadav, A. N., Singh, K., Singh, J., Sayyed, R. Z., Arora, N. K., & Saxena, A. K. (2021). Beneficial microbiomes for bioremediation of diverse contaminated environments for environmental sustainability: present status and future challenges. In *Environmental Science and Pollution Research* (Vol. 28, Issue 20, pp. 24917–24939). <https://doi.org/10.1007/s11356-021-13252-7>
- Lahlali, R., Ezrari, S., Radouane, N., Kenfaoui, J., Esmaeel, Q., El Hamss, H., Belabess, Z., & Barka, E. A. (2022). Biological control of plant pathogens: a global perspective. In *Microorganisms* (Vol. 10, Issue 3). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10030596>

- Lalid Kumar, S. P., Latha, M. R., Janaki, P., Parameswari, E., Kalaiselvi, T., Senthamilselvi, D., & Krishnan, R. (2024). Sustainable farming practices enhance bacterial diversity and nutrient levels in sorghum rhizosphere soil. *Rhizosphere*, 32(October), 100967. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2024.100967>
- Lasmini, S. A., Edy, N., Yunus, M., Nasir, B. H., & Khasanah, N. (2022). Effect of the combined application of manure compost and *Trichoderma* sp. on production parameters and stem rot disease incidence of shallot. *Chilean Journal of Agricultural and Animal Sciences*, 38(3), 335–344. <https://doi.org/10.29393/CHJAA38-31OHVL10031>
- Le, L., Chethana, K., Zhao, Q., Su, H.-L., Cuijinyi, L., Thiyagaraja, V., Alotibi, F., & Hyde, K. (2025). Four new species of *Erioscyphella* (Leotiomyces, Helotiales) from southwestern China. *MycKeys*, 114, 29–48. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.114.138647>
- Lei, Z., Chen, X., Cao, F., Guo, Q., & Wang, J. (2022). Efficient saccharification of *Lycium barbarum* leaf biomass by using enzyme cocktails produced by a novel fungus *Aspergillus costaricensis* LS18. *Journal of Environmental Management*, 321. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2022.115969>
- Lewin, S., Wende, S., Wehrhan, M., Verch, G., Ganugi, P., Sommer, M., & Kolb, S. (2024). Cereals rhizosphere microbiome undergoes host selection of nitrogen cycle guilds correlated to crop productivity. *Science of the Total Environment*, 911, 168794. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168794>
- Li, C., Wu, Y., Li, L., Zhao, C., Li, B., Wu, Y., Wang, H., & Yan, Z. (2023). Different techniques reveal the difference of community structure and function of fungi from root and rhizosphere of *Salvia miltiorrhiza* Bunge. *Plant Biology*, 25(6), 848–859. <https://doi.org/10.1111/plb.13556>
- Li, H., Li, C., Song, X., Liu, Y., Gao, Q., Zheng, R., Li, J., Zhang, P., & Liu, X. (2022). Impacts of continuous and rotational cropping practices on soil chemical properties and microbial communities during peanut cultivation. *Scientific Reports*, 12(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-06789-1>
- Lian, W.-H., Li, M.-X., Yue, L.-X., Li, S., Lin, Z.-L., Hu, C.-J., Han, J.-R., Li, W.-J., & Dong, L. (2024). Agricultural management reshaped the diversity patterns and community assembly of rhizosphere bacterial communities in a desert farming system. *Applied Soil Ecology*, 203, 105656. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2024.105656>
- Lichtner, F. J., Jurick, W. M., Bradshaw, M., Broeckling, C., Bauchan, G., & Broders, K. (2022). *Penicillium raperi*, a species isolated from Colorado cropping soils, is a potential biological control agent that produces multiple metabolites and is antagonistic against postharvest phytopathogens. *Mycological Progress*, 21(7), 62. <https://doi.org/10.1007/s11557-022-01812-1>
- Liu, F., Li, X., Hu, H., Li, J., Du, G., Yang, Y., Tang, K., Li, E., Li, H., & Chen, L. (2023). Hemp (*Cannabis sativa* L.) Interruption cultivation evidently decreases the anthracnose in the succeeding crop chilli (*Capsicum annuum* L.). *Agronomy*, 13(5). <https://doi.org/10.3390/agronomy13051228>
- Liu, L., Guan, X., He, M., Liu, C., Cai, B., Hu, G., Wu, B., Wang, Y., & Chen, X. (2022). Optimization of raw materials ratio using aerobic composting method to

- synergistically treat a variety of wine industry solid waste. *Food and Fermentation Industries*, 48(5), 116–122. <https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.028847>
- Liu, M., Wei, Y., Lian, L., Wei, B., Bi, Y., Liu, N., Yang, G., & Zhang, Y. (2023). Macrofungi promote SOC decomposition and weaken sequestration by modulating soil microbial function in temperate steppe. *Science of the Total Environment*, 899. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.165556>
- Loc, N. H., Huy, N. D., Quang, H. T., Lan, T. T., & Thu Ha, T. T. (2020). Characterisation and antifungal activity of extracellular chitinase from a biocontrol fungus, *Trichoderma asperellum* PQ34. *Mycology*, 11(1), 38–48. <https://doi.org/10.1080/21501203.2019.1703839>
- López-Carmona, D. A., Alarcón, A., Martínez-Romero, E., Peña-Cabriales, J. J., & Larsen, J. (2019). Maize plant growth response to whole rhizosphere microbial communities in different mineral N and P fertilization scenarios. *Rhizosphere*, 9, 38–46. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2018.11.004>
- Makhloufi, S., Makhloufi, A., & Chebloune, Y. (2023). Isolation of a new *Aspergillus iranicus* strain from the soil of southwestern Algeria exhibiting potential palm date-cellulose degrading activity. *South Asian Journal of Experimental Biology*, 13(2), 80–91. [https://doi.org/10.38150/sajeb.13\(2\).p80-91](https://doi.org/10.38150/sajeb.13(2).p80-91)
- Mallikharjuna Rao, K. L. N., Siva Raju, K., & Ravisankar, H. (2016). Cultural conditions on the production of extracellular enzymes by *Trichoderma* isolates from tobacco rhizosphere. *Brazilian Journal of Microbiology*, 47(1), 25–32. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2015.11.007>
- Martínez-García, L. B., Richardson, S. J., Tyljanakis, J. M., Peltzer, D. A., & Dickie, I. A. (2015). Host identity is a dominant driver of mycorrhizal fungal community composition during ecosystem development. *New Phytologist*, 205(4), 1565–1576. <https://doi.org/10.1111/nph.13226>
- Maruyama, C. R., Bilesky-José, N., de Lima, R., & Fraceto, L. F. (2020). Encapsulation of *Trichoderma harzianum* Preserves Enzymatic Activity and Enhances the Potential for Biological Control. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2020.00225>
- Mirsam, H., Suriani, Aqil, M., Azrai, M., Efendi, R., Muliadi, A., Sembiring, H., & Azis, A. I. (2022). Molecular characterization of indigenous microbes and its potential as a biological control agent of Fusarium stem rot disease (*Fusarium verticillioides*) on maize. *Heliyon*, 8(12). <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11960>
- Molefe, R. R., Amoo, A. E., & Babalola, O. O. (2021). Metagenomic insights into the bacterial community structure and functional potentials in the rhizosphere soil of maize plants. *Journal of Plant Interactions*, 16(1), 258–269. <https://doi.org/10.1080/17429145.2021.1936228>
- Mukherjee, P. K., Mendoza-Mendoza, A., Zeilinger, S., & Horwitz, B. A. (2022). Mycoparasitism as a mechanism of Trichoderma-mediated suppression of plant diseases. In *Fungal Biology Reviews* (Vol. 39, pp. 15–33). <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2021.11.004>
- Nisa, H., Kamili, A. N., Nawchoo, I. A., Shafi, S., Shameem, N., & Bandh, S. A. (2015). Fungal endophytes as prolific source of phytochemicals and other bioactive natural

- products: A review. *Microbial Pathogenesis*, 82(April), 50–59. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2015.04.001>
- Nygaard, A. B., Tunsjø, H. S., Meisal, R., & Charnock, C. (2020). A preliminary study on the potential of Nanopore MinION and Illumina MiSeq 16S rRNA gene sequencing to characterize building-dust microbiomes. *Scientific Reports*, 10(1), 3209. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59771-0>
- Organo, N. D., Granada, S. M. J. M., Pineda, H. G. S., Sandro, J. M., Nguyen, V. H., & Gummert, M. (2022). Publisher Correction: Assessing the potential of a Trichoderma-based compost activator to hasten the decomposition of incorporated rice straw (*Scientific Reports*, (2022), 12, 1, (448), 10.1038/s41598-021-03828-1). In *Scientific Reports* (Vol. 12, Issue 1). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-05490-7>
- Pieterse, C. M. J., de Jonge, R., & Berendsen, R. L. (2016). The soil-borne supremacy. In *Trends in Plant Science* (Vol. 21, Issue 3, pp. 171–173). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2016.01.018>
- Portik, D. M., Brown, C. T., & Pierce-Ward, N. T. (2022). Evaluation of taxonomic classification and profiling methods for long-read shotgun metagenomic sequencing datasets. *BMC Bioinformatics*, 23(1), 541. <https://doi.org/10.1186/s12859-022-05103-0>
- Rosmana, A., Junaid, M., Asman, A., Hanum, U. L., Mauludya, L., & Yusuf, K. (2023). *Trichoderma asperellum* integrated with *Fusarium decemcellulare* and *Lasiodiopodia pseudotheobromae* applications increase its colonisation in cacao seedling tissues and suppression of leaf anthracnose disease. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1208(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1208/1/012020>
- Sarang, S., Swain, H., Adak, T., Bhattacharyya, P., Mukherjee, A. K., Kumar, G., & Mehetre, S. T. (2021). Trichoderma-mediated rice straw compost promotes plant growth and imparts stress tolerance. *Environmental Science and Pollution Research*, 28(32), 44014–44027. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-13701-3>
- Sharaf, M. H., Abdelaziz, A. M., Kalaba, M. H., Radwan, A. A., & Hashem, A. H. (2022). Antimicrobial, antioxidant, cytotoxic activities and phytochemical analysis of fungal endophytes isolated from *Ocimum basilicum*. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 194(3), 1271–1289. <https://doi.org/10.1007/s12010-021-03702-w>
- Shubakov, A. A., & Elkina, E. A. (2002). Production of polygalacturonases by filamentous fungi *Aspergillus niger* ACM F-1119 and *Penicillium dierckxii* ACIM F-152. *Chemistry and Computational Simulation. Butlerov Communications*, 7, 65–68.
- Singh, S., Shraboni, F. A., Islam, A. K. M. A., & Bhanu, A. N. (2025). Chapter Eleven - Genetic engineering of rhizosphere microbes towards crop improvement. In Y. Chen (Ed.), *Rhizosphere Revelations: Microbial Strategies for Sustainable Agriculture* (Vol. 116, pp. 235–282). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/bs.abr.2025.04.001>
- Tarroum, M., Romdhane, W. Ben, Ali, A. A. M., Al-Qurainy, F., Al-Doss, A., Fki, L., & Hassairi, A. (2021). Harnessing the rhizosphere of the halophyte grass *Aeluropus litoralis* for halophilic plant-growth-promoting fungi and evaluation of their biostimulant activities. *Plants*, 10(4). <https://doi.org/10.3390/plants10040784>

- Umadevi, P., Gopala Krishnan, S., Nagarajan, M., Manivannan, S., Vinod, K. K., & Singh, A. K. (2024). Climate-resilient strategy for shortening the crop cycle in rice and the host influenced rhizosphere microbiome. *Rhizosphere*, 30(December 2023), 100903. <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2024.100903>
- Wang, X., Zhang, J., Lu, X., Bai, Y., & Wang, G. (2024). Two diversities meet in the rhizosphere: root specialized metabolites and microbiome. *Journal of Genetics and Genomics*, 51(5), 467–478. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jgg.2023.10.004>
- Wang, Y., Zhao, Y., Bollas, A., Wang, Y., & Au, K. F. (2021). Nanopore sequencing technology, bioinformatics and applications. In *Nature Biotechnology* (Vol. 39, Issue 11, pp. 1348–1365). Nature Research. <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01108-x>
- Wani, A. K., Rahayu, F., Alkahtani, A. M., Alreshidi, M. A., Yadav, K. K., Parnidi, Fauziah, L., Murianingrum, M., Akhtar, N., Mufidah, E., Supriyadi, Rahayu, D. M., & Singh, R. (2024). Metagenomic profiling of rhizosphere microbiota: Unraveling the plant-soil dynamics. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 133(June). <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2024.102381>
- Wick, R. R., Judd, L. M., & Holt, K. E. (2019). Performance of neural network basecalling tools for Oxford Nanopore sequencing. *Genome Biology*, 20(1). <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1727-y>
- Wonglom, P., Ito, S. ichi, & Sunpapao, A. (2020). Volatile organic compounds emitted from endophytic fungus *Trichoderma asperellum* T1 mediate antifungal activity, defense response and promote plant growth in lettuce (*Lactuca sativa*). *Fungal Ecology*, 43. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2019.100867>
- Wu, F., Wang, H., Lin, Y., Feng, S., & Li, X. (2025). Biocontrol mechanisms of antagonistic yeasts on postharvest fruits and vegetables and the approaches to enhance the biocontrol potential of antagonistic yeasts. *International Journal of Food Microbiology*, 430, 111038. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2024.111038>
- Xu, L., Yi, H., Zhang, A., & Guo, E. (2023). Rhizosphere soil microbial communities under foxtail millet continuous and rotational cropping systems and their feedback effects on foxtail millet downy mildew suppression. *Plant Growth Regulation*, 99(1), 161–175. <https://doi.org/10.1007/s10725-022-00936-4>
- Yang, G., Zhen, Z., Wu, W., Yang, C., Li, Q., Li, X., Yin, J., Zhong, X., Lin, Z., & Zhang, D. (2025). Environmental Technology & Innovation Mechanisms of Sulfamethoxazole biodegradation in mangrove rhizosphere by metagenomic and metabolic pathways. *Environmental Technology & Innovation*, 37, 103970. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2024.103970>
- Yang, S., Shi, Z., Gao, J., Wu, S., & Zhang, X. (2025). Rhizosphere fungi are more sensitive than bacteria to tree mycorrhizal types in molybdenum mining areas. *Rhizosphere*, 34, 101103. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2025.101103>
- Yeung, C. C., Bugmann, H., Hagedorn, F., Moreno Duborgel, M., & Díaz-Yáñez, O. (2025). How does nitrogen control soil organic matter turnover and composition? -- Theory and model. *Biogeosciences*, 22(23), 7535–7562. <https://doi.org/10.5194/bg-22-7535-2025>

- Zhang, C., Shi, X., Zhang, J., Zhang, Y., & Wang, W. (2023). Dynamics of soil microbiome throughout the cultivation life cycle of morel (*Morchella sextelata*). *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.979835>
- Zhang, J., Qu, X., Song, X., Xiao, Y., Wang, A., & Li, D. (2023). Spatial variation in soil base saturation and exchangeable cations in tropical and subtropical China. *Agronomy*, 13(3), 781. <https://doi.org/10.3390/agronomy13030781>
- Zhang, M., Liang, G., Ren, S., Li, L., Li, C., Li, Y., Yu, X., Yin, Y., Liu, T., & Liu, X. (2023). Responses of soil microbial community structure, potential ecological functions, and soil physicochemical properties to different cultivation patterns in cucumber. *Geoderma*, 429. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2022.116237>
- Zhang, X., Xia, J., Liu, J., Zhao, D., Kong, L., & Zhu, X. (2021). First report of *Fusarium pernambucanum* causing fruit rot of muskmelon in China. *Plant Disease*, 106. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-21-1520-PDN>
- Zhou, W., Arcot, Y., Medina, R. F., Bernal, J., Cisneros-Zevallos, L., & Akbulut, M. E. S. (2024). Integrated pest management: An Update on the sustainability approach to crop protection. *ACS Omega*, 9(40), 41130–41147. <https://doi.org/10.1021/acsomega.4c06628>
- Zhu, S., Sun, S., Zhao, W., Sheng, L., Mao, H., Yang, X., & Chen, Z. (2024). Metagenomics and metabolomics analysis revealed that Se-mediated Cd precipitation and nutrient cycling regulated soil-rice (*Oryza sativa* L) microenvironmental homeostasis under cadmium stress. *Environmental and Experimental Botany*, 228(PA), 105958. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2024.105958>