

PENGARUH FUNGISIDA TERHADAP KEANEKARAGAMAN BAKTERI TANAH DI KOTA BATU

The Effect of Fungicide on Diversity of Soil Bacteria in Batu City

Indah Nur Khulillah*, Abdul Latief Abadi, Luqman Qurata Aini

Fakultas Pertanian, Universitas Brawijaya, Jl. Veteran, Malang 65145.

*Penulis korespondensi: khulillah@yahoo.co.id

Abstract

Environmentally friendly and conventional cultivation systems that are selected and used by farmers can directly or indirectly affect microbes in the soil. Microbial population diversity can be used as a sensitive parameter to soil quality. Bacterial populations are a determining factor in ecosystems that are important because of biological and biogeochemical cycles, and heterotrophic activities. This study suggests looking at environmentally friendly (O1) and conventional (K1, K2, K3) soil bacteria on soil planted with sweet maize and function of bacteria in ecosystems. The results of this study that diversity on environmentally friendly was higher than conventional soil. The value was 1,775; while those of the conventional lands 1, 2 and 3 were 1,587; 1,245 and 1,320. In O1 soil, the most common genus was *Agrobacterium* and bacteria which were only found in environmentally friendly soils were *Bacillus* and *Clostridium*. Bacteria found such as O1F and O1G which were related to *B. paramycoides* could be used as biological agents against *Cercospora* leaf spot disease, *B. megaterium* could bind nitrate to the rhizosphere and dissolve phosphate in the soil, and *B. aryabhatai* which was potential as biological fertilizers and bioremediation.

Keywords: *Bacillus*, *mancozeb*, *propineb*, *sweet maize*

Pendahuluan

Mikroba merupakan komponen penting dalam suatu agroekosistem. Di alam terdapat berbagai jenis mikroba, seperti jamur, bakteri, ragi, dan khamir. Berbagai jenis mikroba tersebut dapat ditemui di udara bebas, hidup di area daun atau dalam jaringan tanaman, dan hidup di dalam tanah yang sebagian dapat berasosiasi dengan perakaran tanaman. Mikroba dalam tanah memiliki berbagai macam fungsi, antara lain sebagai pendekomposisi bahan organik, pengendali ketersediaan karbon dalam tanah, berperan dalam stabilitas agregat tanah, melawan berbagai macam patogen, serta berpengaruh terhadap kesehatan tanaman dan hasil panen (Bonanomi *et al.*, 2016).

Pengolahan tanah secara intensif, pemupukan dan penanaman secara monokultur

pada sistem pertanian konvensional dapat menyebabkan terjadinya penurunan secara nyata biodiversitas makrofauna tanah (Yeates dan Sagar, 1998). Perubahan komponen kimia tanah akibat input pupuk, pestisida atau fungisida, dan mikroba antagonis secara langsung maupun tidak langsung berpengaruh pada populasi dan aktivitas mikroba tanah sehingga mempengaruhi stabilitas ekosistem (Sang dan Kim, 2012; Cycon *et al.*, 2013). Menurut Lupwayi *et al.* (2009), aplikasi fungisida merubah komposisi tanah dan mengganggu struktur serta komposisi mikroba tanah, termasuk organisme yang bermanfaat bagi tanaman. Sebagai komponen penting dari ekosistem tanah, bakteri berperan dalam siklus nutrisi yang dapat mendekomposisi materi organik sehingga mempengaruhi kesuburan tanah, mengatur pertumbuhan tanaman, dan

menghambat mikroorganisme patogen (Smith dan Goodman, 1999).

Jagung manis (*Zea mays saccharata* Sturt) atau sweet maize termasuk salah satu jenis jagung yang diminati. Menurut Ariyanto (2011) pengembangan jagung manis masih terbatas akibat dari harga benih yang mahal, kebutuhan pengairan dan pemeliharaan yang intensif, ketahanan terhadap hama dan penyakit yang masih rendah serta kebutuhan pupuk yang tinggi. Untuk mengatasi hal tersebut petani menggunakan berbagai input tambahan kimia buatan untuk meningkatkan hasil produksi. Saat ini, belum ada data angka yang pasti tentang produksi jagung manis di Indonesia, khususnya di Kota Batu. Akan tetapi, Muhammad (2015) menyebutkan bahwa hasil wawancara dengan petani jagung manis di Desa Bumiaji cukup menguntungkan mencapai omset 11 juta rupiah.

Salah satu bahan kimia tambahan yang banyak digunakan oleh petani yaitu fungisida. Fungisida digunakan untuk menekan, mengatasi atau mencegah penyakit menyerang tanaman jagung manis yang ditanam oleh petani. Padahal residu dari fungisida memiliki dampak negatif sehingga dapat mengganggu kesehatan masyarakat (Tomer dan Sangha, 2013). Fungisida akan masuk ke dalam jaringan tanaman seperti daun, buah, cabang, dan akar (Fantke *et al.*, 2011). Selain itu, penggunaan fungisida berdampak pada lingkungan, yaitu degradasi lahan, pencemaran udara, tanah dan air tanah (Wang *et al.*, 2013).

Penurunan kualitas tanah akibat penggunaan pestisida ditunjukkan dengan kadar bahan organik yang rendah, sifat kimia dan fisika tanah berubah serta menurunnya keanekaragaman biologi tanah. Hasil analisa tanah dari Laboratorium Tanah Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya tahun 2006 menunjukkan bahwa kualitas tanah di Kota Batu termasuk rendah dengan kandungan bahan organik (C-organik) sangat rendah (0,79%); pH tanah agak masam (5,7); dan N-total rendah (0,16%) (Indahwati, 2012). Oleh karena itu, penelitian tentang diversitas mikroba pada lahan budidaya jagung akibat pemberian fungisida diperlukan untuk mengetahui keanekaragaman bakteri tanah

yang kemudian dibandingkan dengan lahan ramah lingkungan.

Diversitas populasi mikroba dapat digunakan sebagai parameter sensitif dari kualitas tanah. Populasi bakteri menjadi kunci determinasi pada stabilitas ekosistem karena berperan penting dalam perkembangan tanah, siklus biogeokimia, dan aktivitas heterotrofik (Schutte *et al.*, 2010). Telah banyak studi perbandingan antara budidaya konvensional dan organik tentang diversitas mikroba tanah, kelimpahan mikrobioma, serta komposisi dan peran mikroba tanah (Hättenschwiler *et al.*, 2005; Mendes *et al.*, 2015). Pada penelitian ini, kami menduga bahwa keanekaragaman bakteri lahan ramah lingkungan lebih tinggi daripada lahan konvensional dengan melihat peran bakteri tertentu dalam ekosistem tanah.

Bahan dan Metode

Lokasi pengambilan sampel tanah

Penelitian ini dilaksanakan dengan mengambil sampel tanah di lahan jagung manis anggota Gapoktan Torongmakmur dan petani di Dusun Krajan Kecamatan Torongrejo Kota Batu. Berdasarkan pencitraan Google earth lokasi tersebut terletak pada sekitar area 7°53'05.7"S dan 112°33'10.9"E. Seluruh lokasi pengambilan sampel tanah berdekatan dengan asumsi bahwa lahan memiliki kondisi cuaca yang sama. Sampel yang diperoleh kemudian dibawa ke Laboratorium Sentral Ilmu Hayati Universitas Brawijaya dan Laboratorium Penyakit Tumbuhan I Jurusan Hama dan Penyakit Tumbuhan Fakultas Pertanian untuk dilakukan berbagai macam uji sesuai dengan metode dan prosedur. Penelitian dilakukan mulai bulan Mei 2018 hingga bulan Desember 2018.

Metode pengambilan sampel tanah

Pengambilan sampel tanah dilakukan dua kali, untuk isolasi bakteri tanah dan analisa tanah. Sampel tanah diambil menggunakan cetok dengan kedalaman 0-20 cm dengan skema menurut huruf W (Bonanomi *et al.*, 2016). Pengambilan sampel tanah pada setiap lahan diambil sebanyak 5 titik sampel yang kemudian dimasukkan ke dalam kantong plastik

berukuran 0,5 kg dan dikompositkan, lalu diberi label sesuai jenis tanah yang diambil. Setelah itu sampel tanah dimasukkan ke dalam ice box yang berisi es batu untuk menjaga agar bakteri tetap hidup selama perjalanan menuju ke laboratorium.

Isolasi dan karakterisasi biokimia bakteri

Metode yang digunakan untuk isolasi bakteri yaitu dilution plate berdasarkan metode dari Chou *et al.* (2017). Tanah basah sebanyak 45 g diletakkan dalam tabung reaksi dan ditambahkan aquades steril 180 ml, lalu dishaker selama 2 jam. Suspensi tanah tersebut diambil 1 ml dan dimasukkan kedalam tabung reaksi dengan menambahkan aquades steril 9 ml dan diencerkan hingga mencapai tingkat pengenceran 10^{-7} (Meenakshi *et al.*, 2007). Hasil pengenceran diambil 1 ml dan dituang kedalam cawan petri yang berisi media NA padat sampai tiga kali ulangan. Lalu suspensi diratakan menggunakan stick L serta cawan petri direkatkan dengan plastik wrap. Isolat tersebut kemudian diinkubasi pada suhu ruang 27-28 °C selama 2-3 hari hingga muncul titik-titik koloni bakteri di permukaan media NA. Purifikasi atau pemurnian dilakukan pada setiap koloni bakteri yang tumbuh pada media NA dan dianggap berbeda dalam cawan petri yang meliputi warna dan bentuk koloni bakteri.

Karakterisasi biokimia bakteri bertujuan untuk mengetahui berbagai jenis bakteri yang didapatkan sampai tingkat genus. Pengujian secara biokimia mengacu pada buku Schaad *et al.* (2001) dan de Vos *et al.* (2009) yang terdiri atas berbagai karakter seperti uji Gram, bentuk spora, uji anaerob, uji fluoresens pada media King's B, uji warna koloni pada media YDC agar, uji katalase, uji urease, dan uji pada media D1M.

Uji sensitivitas bakteri terhadap fungisida secara in vitro

Pengujian sensitivitas bakteri menggunakan metode Poisoned Food Technique berdasarkan Balouiri *et al.* (2016). Fungisida yang digunakan berbahan aktif mancozeb dan propineb. Pada uji ini fungisida dicampurkan ke dalam media NA, lalu diinokulasi dengan isolat bakteri tanah dan diulang sebanyak 3 kali. Konsentrasi awal yang digunakan berdasarkan residu maksimal

mancozeb pada tanah yaitu 20 ppm (Xu, 2000). Kemudian jika bakteri uji masih hidup konsentrasi akan ditingkatkan menjadi 50, 100, 150 dan 200 ppm. Seluruh bakteri yang ditemukan diuji dan diinokulasi secara langsung di atas media dalam cawan petri.

Karakterisasi molekuler bakteri

Karakterisasi molekuler dilakukan di Laboratorium PT Genetika Science Indonesia (GSI) dengan cara mengirim sampel kultur bakteri. Prosedur identifikasi secara molekuler yang dilakukan di PT GSI yaitu tahapan ekstraksi DNA menggunakan metode Genomic DNA extraction dengan Presto™ Mini gDNA Bacteria Kit (Geneaid, GBB100), amplifikasi PCR menggunakan metode PCR amplification dengan MyTaq HS Red Mix (Bioline, BIO-25047), purifikasi menggunakan metode PCR product purification dengan DNA Clean & Concentrator™-5 (Zymo Research, D4014), dan analisa hasil sekuens menggunakan metode Bi-directional Sequencing.

Analisis data

Analisis data dilakukan secara deskriptif dan dengan uji statistik. Secara deskriptif yaitu dengan menyajikan data dalam bentuk tabel dan grafik beserta deskripsinya. Secara uji statistik, data hasil keanekaragaman bakteri tanah diolah menggunakan perangkat lunak Microsoft Excel 2010 dan DSAASTAT version 1.01. Untuk melihat urutan nukleotida dan membuat pohon filogeni bakteri pada uji molekuler menggunakan program MegaX version 10.0.5. Hasil sekuensing dari nukleotida bakteri dicocokkan dengan database yang ada pada NCBI.

Hasil dan Pembahasan

Keragaman bakteri pada lahan ramah lingkungan dan konvensional

Pada dilution plate 10^{-7} tanah O1 dengan tiga ulangan didapatkan masing-masing 194, 249, dan 208 koloni bakteri, sedangkan pada tanah K1 diperoleh 213, 76, dan 104 koloni bakteri. Pada tanah K2 didapatkan 56, 61, dan 43 koloni bakteri, serta pada tanah K3 diperoleh 57, 49, dan 34 koloni bakteri. Setiap koloni

yang tumbuh dalam media diamati perbedaan warna dan bentuk koloninya, lalu dilakukan purifikasi ke media baru. Tanah O1 didapatkan 16 jenis bakteri, tanah K1 18 bakteri, tanah K2 15 bakteri, dan tanah K3 17 bakteri. Hasil purifikasi tersebut digunakan untuk uji biokimia bakteri untuk mengkarakterkan bakteri menjadi genus yang berbeda.

Pada tanah O1 didapatkan 16 jenis bakteri, tanah K1 18 bakteri, tanah K2 15 bakteri, dan tanah K3 17 bakteri. Setelah dilakukan pengujian biokimia, maka diperoleh masing-masing 7 genus pada tanah O1 dan K1 serta masing-masing 4 genus pada tanah K2 dan K3. Pada tanah O1, terdapat genus *Bacillus* (1), *Clostridium* (1), *Pantoea* (4), *Coryneform* (1), *Agrobacterium* (5), *Pseudomonas* (3), dan *Erwinia* (1). Pada tanah K1, terdapat genus *Bacillus* (1), *Pantoea* (1), *Coryneform* (4), *Agrobacterium* (2), *Erwinia* (6), *Xanthomonas* (1), dan *Lactobacillus* (1). Pada tanah K2, terdapat genus *Pantoea* (2), *Coryneform* (4), *Pseudomonas* (7), dan *Lactobacillus* (2). Pada tanah K3, terdapat genus *Coryneform* (6), *Agrobacterium* (2), *Pseudomonas* (4), dan *Lactobacillus* (2).

Pada tanah O1, genus yang paling banyak ditemukan yaitu *Agrobacterium* sebanyak 5/16 bakteri yang ditemukan. Menurut Janse (2005) *Agrobacterium* termasuk ke dalam Filum *Proteobacteria* dan spesies tertentu sering dimanfaatkan seperti *A. tumefaciens* yang dapat digunakan sebagai agen dalam transformasi genetik (LV *et al.*, 2017). Pada tanah K1, genus *Erwinia* (6/18) lebih banyak ditemukan daripada genus lainnya dan termasuk ke dalam golongan *Enterobacteraceae* (Janse, 2005). Spesies tertentu seperti *E. stewartii* dapat menyebabkan penyakit pada tanaman jagung (Nimtz *et al.*, 1996). Pada tanah K2 lebih banyak ditemukan *Pseudomonas* (7/15) yang termasuk ke dalam *Proteobacteria* (Janse, 2005) yang dapat berasosiasi dengan perakaran tanaman (Tchagang *et al.*, 2018). Pada tanah K3 banyak ditemukan *Coryneform* (6/17) yang merupakan bakteri gram positif dari *Actinobacteria* (Janse, 2005) dan banyak dimanfaatkan dalam industri (Hermann, 2003). Berdasarkan di atas diperoleh indeks keanekaragaman Shannon (H') dengan nilai

yang hampir sama yaitu 1,717; 1,587; 1,245; dan 1,320 pada tanah O1, K1, K2, dan K3 secara berurutan. Nilai yang diperoleh tersebut artinya bahwa pada setiap tanah keanekaragaman bakteri sedang dan penyebaran jumlah individu tiap jenis sedang (Ludwig dan Reynolds, 1988). Meskipun demikian, nilai keanekaragaman tertinggi terdapat pada tanah O1 daripada ketiga tanah lainnya.

Tabel 1. Keragaman bakteri pada tanah O1, K1, K2, dan K3.

Tanah	H'	E	C
O1	1,717	0,882	0,500
K1	1,587	0,815	0,444
K2	1,245	0,898	0,500
K3	1,320	0,952	0,500

Hasil indeks keseragaman (E) pada keempat jenis tanah, didapatkan nilai sebesar 0,882; 0,815; 0,898, dan 0,952 pada tanah O1, K1, K2, dan K3 secara berurutan. Berdasarkan Ludwig dan Reynolds (1988) indeks keragaman bakteri sedang dan penyebaran jumlah individu tiap jenis sedang. Nilai indeks keragaman tertinggi terdapat pada tanah K3, kemudian diikuti tanah K2, O1, dan K1. Nilai indeks dominasi spesies (C) pada tanah O1, K2, dan K3 sama yaitu 0,500; berbeda dengan lainnya tanah K1 nilainya sebesar 0,444. Meskipun nilainya berbeda, namun menurut Krebs (1989) tidak ada spesies atau individu bakteri yang mendominasi pada setiap tanah yang diteliti.

Uji sensitivitas bakteri terhadap fungisida

Hasil uji sensitivitas bakteri menunjukkan respon yang berbeda pada setiap bakteri uji di masing-masing tanah O1, K1, K2, dan K3. Bakteri yang sangat merespon fungisida yang dicampur dengan media umumnya berasal dari tanah ramah lingkungan (O1). Terdapat tujuh bakteri yang menunjukkan respon terhadap pemberian kedua fungisida yaitu O1F, O1G, O1K, O1O, O1P, O1U, dan O1W yang masing-masingnya dalam genus *Bacillus*, *Clostridium*, *Coryneform*, *Agrobacterium*, *Pseudomonas*, *Erwinia*, dan *Pantoea*. Pada uji mancozeb 50 ppm *Coryneform* dan *Erwinia* hanya tumbuh sekitar 41-80% dari semua

ulangan. Agrobacterium tidak dapat tumbuh pada mancozeb dan propineb 100 dan 200 ppm, sedangkan Bacillus dan Pseudomonas hanya merespon mancozeb 200 ppm dan pertumbuhannya sekitar 1-40%. Bakteri lainnya pada tanah O1 dapat tumbuh pada seluruh ulangan di semua konsentrasi fungisida.

Pada tanah K1 hanya 1K3A (*Lactobacillus*) yang menunjukkan respon pada fungisida berbahan aktif propineb, mulai konsentrasi 50, 100, dan 200 ppm tumbuh sekitar 40-80% dari semua ulangan. Pada tanah K2 terdapat K2A, K2H, dan K2J yaitu *Lactobacillus*, *Pseudomonas*, dan *Pantoea* yang hanya merespon pemberian fungisida mancozeb dan semuanya tumbuh sekitar 40-80%. *Lactobacillus* merespon pada konsentrasi 50, 100, dan 200 ppm, *Pseudomonas* pada pemberian 200 ppm mancozeb, dan *Pantoea* mulai dari konsentrasi terendah hingga tertinggi.

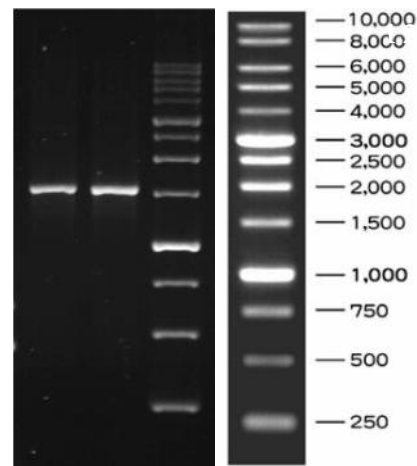
Pengaruh aplikasi fungisida berbahan aktif mancozeb terhadap mikroba tanah telah diteliti oleh Walia *et al.* (2014). Penelitian tersebut menyebutkan bahwa semakin tinggi mancozeb akan semakin menurunkan populasi bakteri yang terlibat dalam nitrifikasi dan amonifikasi. Secara umum populasi bakteri meningkat karena populasi kompetitor seperti jamur dan actinomycetes menurun (Meenakshi *et al.*, 2007; Lupwayi *et al.*, 2009; Lo, 2010; Cycon *et al.*, 2013). Namun, pada penelitian lain menyebutkan bahwa jumlah bakteri tanah menurun seperti penelitian Yu *et al.* (2009); Sulowicz dan Piotrowska-Seget (2016).

Karakterisasi molekuler bakteri

Pemilihan sampel yang dikirim berdasarkan hasil dari uji sensitivitas *in vitro* yaitu bakteri dari lahan O1 yang tidak tahan dengan pemberian fungisida. Sampel yang dikirim yaitu O1F dan O1G yang berasal dari genus *Bacillus* dan *Clostridium* dari hasil uji biokimia. Proses karakterisasi molekuler yang dilakukan di PT GSI mulai dari ekstraksi DNA, amplifikasi, pemurnian DNA hingga sekuensing. Gambar 1. merupakan hasil PCR dari 1 µl produk ekstraksi yang dilihat dengan elektroforesis dalam 1% TBE agarose.

Berdasarkan hasil PCR tersebut kemudian dilakukan sekuensing dan dicocokkan dengan

database dari GenBank NCBI. Pada O1F kumpulan pasangan basa hasil sekuensing sekitar 1053 dan O1G sekitar 1410 pasangan basa. Hasil dari database GenBank kemudian dibuat hubungan kekerabatan dalam pohon filogenetik yang dapat dilihat pada Gambar 2.

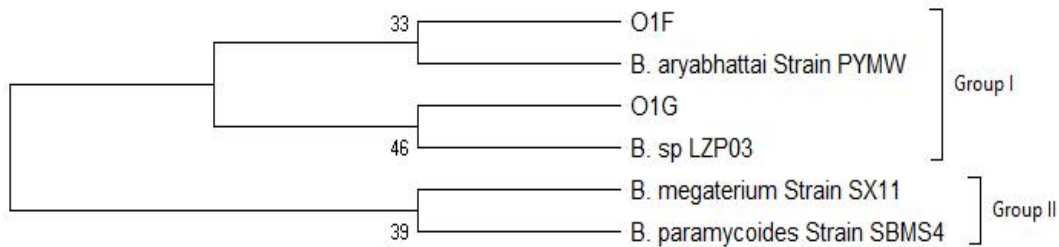


Gambar 1. Hasil PCR Sampel Bakteri.
Keterangan: (1) O1F = *Bacillus*; (2) O1G = *Clostridium*.

Pada pohon filogeni dapat dilihat bahwa O1F memiliki hubungan kekerabatan dengan *B. aryabhatai*. Beberapa penelitian menyebutkan bahwa *B. aryabhatai* memiliki manfaat bagi tanaman seperti meningkatkan kandungan seng (Zn) dalam tanah sehingga berpotensi sebagai agen hayati (Ramesh *et al.*, 2014); dapat mendegradasi insektisida organophosphate hingga konsentrasi 200 µg/ml (Pailan *et al.*, 2015); dan toleran terhadap arsen (As) yang bersifat toksik sehingga dapat digunakan sebagai agen bioremediasi tanah (Singh *et al.*, 2016). Bakteri O1G berkerabat dengan *B. sp* Strain LZP03. Pada gambar juga terlihat bahwa O1F dan O1G berkerabat jauh dengan *B. megaterium* dan *B. paramycoides*. Menurut penelitian Chu *et al.* (2018) *B. megaterium* dapat mengikat nitrat pada rhizosfer jagung sehingga dapat meningkatkan pertumbuhan benih jagung. Potensi *B. megaterium* juga disebutkan oleh Huang *et al.* (2019) bahwa terdapat gen yang dapat melarutkan pospat dalam tanah. *B. paramycoides* atau disebut juga dengan *B. mycooides* merupakan bakteri nonpatogen (Turnbull *et al.*, 2004). Pada penelitian Bargabus *et al.* (2002)

juga disebutkan bahwa *B. mycodes* adalah bakteri nonpatogen yang dapat mengurangi bercak

daun (*Cercospora beticola* Sacc.) pada tanaman sugar beet sebesar 38-81%.



Gambar 2. Pohon Filogenetik Bakteri O1F dan O1G (Neighbour joining Method – Bootstrap Consensus Tree).

Diskusi Umum

Sistem budidaya ramah lingkungan dan konvensional yang dipilih dan digunakan oleh petani secara langsung maupun tidak langsung dapat mempengaruhi mikroba dalam tanah. Hartmann *et al.* (2006) menunjukkan bahwa aplikasi pupuk kandang secara kontinyu dapat berpengaruh terhadap struktur dan kandungan biomassa bakteri. Adriano *et al.* (2012) menyatakan bahwa penambahan kompos dan cairan biofermentasi tidak hanya meningkatkan kesuburan tanah, tetapi dapat memicu aktivitas mikroba dan kemampuan untuk memetabolis molekul organik kompleks. Aplikasi pupuk organik juga dapat mengendalikan penyakit layu Fusarium pada lahan pisang akibat meningkatnya populasi mikroba tanah (Shen *et al.*, 2013).

Menurut White dan McNaughton (1997) diversitas mikroba tanah dapat digunakan sebagai acuan kualitas tanah. Seperti uraian di atas bahwa genus yang didapatkan pada lahan ramah lingkungan lebih banyak daripada lahan konvensional. Hal tersebut sependapat dengan penelitian Fu *et al.* (2016) yang menyebutkan bahwa aplikasi pupuk organik dari kotoran babi berpengaruh positif terhadap aktivitas katabolik rhizobakteria. Menurut Perez-piqueres *et al.* (2006) aktivitas biologi yang terjadi di dalam tanah berkaitan dengan bahan organik yang diaplikasikan. Pada analisa kimia tanah (data tidak ditampilkan), bahan organik (C-org) pada lahan ramah lingkungan lebih tinggi daripada lahan konvensional 2 dan 3, serta memiliki pH

mendekati netral daripada tanah lainnya yang pH-nya masam. Akan tetapi pada K1 kandungan C-organik tertinggi diantara semua lahan yang berkorelasi positif (terbanyak) dengan jumlah bakteri yang diperoleh.

Kemampuan mikroorganisme untuk tumbuh dengan baik seperti yang ditemukan pada tanah K1 mungkin berhubungan dengan meningkatkannya nutrisi dan sumber energi dari hifa jamur yang mati (Lupwayi *et al.*, 2009; Cycoń *et al.*, 2010). Bakteri tidak lagi berkompetisi dengan jamur atau antagonisnya sehingga menyebabkan peningkatan jumlah bakteri (Chen *et al.*, 2001). Menurut Lupwayi *et al.* (2009) jamur yang mati akibat paparan fungisida menghasilkan N-acetyl-D-glucosamine yang merupakan komponen dari dinding selnya, sehingga bakteri mengkatabolisis komponen tersebut. Pendapat yang berbeda dari Lo (2010), bahwa pengaruh nematisida, insektisida, dan fungisida tidak langsung mempengaruhi populasi mikroba tanah, tetapi penggunaannya dapat mengganggu jaring-jaring makanan dalam tanah akibat fluktuasi populasi mikroba yang terjadi. Pada penelitian keanekaragaman, tanah ramah lingkungan lebih tinggi daripada tanah konvensional lainnya (Tabel 1). Umumnya tanah pada lahan organik memiliki kelimpahan kelompok bakteri lebih tinggi daripada tanah pada lahan konvensional. Hal tersebut telah dibuktikan pada penelitian Chou *et al.* (2017) bahwa koloni bakteri kultur per gram tanah (cfu g⁻¹) dari lahan pisang organik (bakteri heterotrof, bakteri pemfiksasi nitrogen, bakteri

pelarut fosfat dan bakteri proteolitik) lebih tinggi daripada lahan pisang konvensional. Budidaya secara konvensional dalam jangka panjang berkorelasi negatif dengan jumlah keempat kelompok bakteri tersebut. Pada sistem budidaya organik, jumlah bakteri yang bermanfaat bagi tanaman lebih banyak ditemukan melalui ketersediaan atau jumlah nutrisi seperti nitrogen dan fosfor di tanah.

Pada penelitian Bonanomi *et al.* (2016) disebutkan bahwa pada tanah organik banyak ditemukan bakteri dari filum Acidobacteria dan Firmicutes dan sedikit Actinobacteria, sedangkan pada tanah konvensional bakteri terbanyak berasal dari filum Proteobacteria. Hasil yang berbeda didapatkan dari penelitian Chou *et al.* (2017) bahwa pada tanah organik banyak ditemukan Actinobacteria dan Proteobacteria, sedangkan Firmicutes terdapat pada tanah organik maupun konvensional. Anggota dari Firmicutes (*Bacillus*) hanya ditemukan pada lahan ramah lingkungan yang tidak ada pada tanah lainnya. Menurut Hartmann *et al.* (2015) hanya Firmicutes yang konsisten bereaksi terhadap tanah organik, meskipun perubahan kelimpahannya tidak signifikan. Anggota Firmicutes lebih resisten terhadap desikasi dan fluktuasi ekstrim kondisi lingkungan dan ketersediaan pakan. Hal tersebut mengindikasikan bahwa lahan ramah lingkungan pada penelitian lebih sehat daripada lahan konvensional.

Beberapa bakteri tanah yang ditemukan memiliki manfaat penting bagi tanaman, ekosistem atau lingkungan. Pada tanah O1, berdasarkan uji biokimia ditemukan bakteri yang tidak ada pada tanah konvensional lainnya (K1, K2, K3) yaitu dari genus *Bacillus* (O1F) dan *Clostridium* (O1G). *Bacillus* merupakan bakteri golongan Firmicutes yang banyak ditemukan pada lahan organik, meskipun menurut Hartmann *et al.* (2015) kelimpahan yang diamati tidak terlalu signifikan. Beberapa anggota dari *Bacillus* memiliki peran terhadap pertumbuhan tanaman dan sebagai agen hayati yang menekan patogen (Fu *et al.*, 2016).

Setelah dilakukan uji molekuler, bakteri O1F berkerabat dengan *B. aryabhatai* dan O1G memiliki hubungan kekerabatan dengan *Bacillus* sp. Pada beberapa penelitian disebutkan bahwa bakteri yang berkerabat tersebut memiliki

manfaat bagi lingkungan. *B. mycodes* yang dapat mengurangi bercak daun (*Cercospora beticola* Sacc.) pada tanaman sugar beet sebesar 38-81% (Bargabus *et al.*, 2002). *B. aryabhatai* memiliki manfaat bagi tanaman seperti meningkatkan kandungan seng (Zn) dalam tanah sehingga berpotensi sebagai agen hayati (Ramesh *et al.*, 2014); dapat mendegradasi insektisida organophosphate hingga konsentrasi 200 µg ml⁻¹ (Pailan *et al.*, 2015); dan toleran terhadap arsen (As) yang bersifat toksik sehingga dapat digunakan sebagai agen bioremediasi tanah (Singh *et al.*, 2016). *B. megaterium* dapat mengikat nitrat pada rhizosfer jagung (Chu *et al.*, 2018) dan dapat melarutkan pospat dalam tanah (Huang *et al.*, 2019). *Clostridium* dapat digunakan sebagai indikator polusi seperti *C. perfringens* (Voidarou *et al.*, 2011) dan berhubungan dengan reduksi Fe(III) pada padi (Li *et al.*, 2017)

Kesimpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan di atas, maka hasil penelitian ini dapat disimpulkan bahwa nilai keanekaragaman bakteri tanah ramah lingkungan lebih tinggi daripada tanah konvensional. Bakteri *Bacillus* yang hanya ditemukan pada tanah ramah lingkungan mengindikasikan bahwa tanah tersebut lebih sehat daripada tanah konvensional. Bakteri tersebut berkerabat dengan *B. paramycooides* yang dapat digunakan sebagai agen hayati terhadap penyakit bercak daun *Cercospora*, *B. megaterium* yang dapat mengikat nitrat pada rhizosfer dan melarutkan pospat dalam tanah serta bakteri *B. aryabhatai* berpotensi sebagai pupuk hayati serta agen bioremediasi.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terimakasih penulis tujukan untuk Lembaga Pengelola Dana Pendidikan (LPDP) yang telah memberikan dana untuk penelitian penulis.

Daftar Pustaka

Adriano, M.D.L., Gutiérrez, F., Dendooven, L. and Salvador-Figueroa, D. 2012. Influence of compost and liquid bioferment on the chemical and biological characteristics of soil cultivated

- with banana (*Musa spp.* L.). *Journal of Soil Science and Plant Nutrition* 12(1): 33-43.
- Ariyanto, S.E. 2011. Perbaikan kualitas pupuk kandang sapi dan aplikasinya pada tanaman jagung manis (*Zea mays saccharata* Sturt). *Jurnal Sains dan Teknologi* 4(2): 164-175.
- Balouiri, M., Sadiki, M. And Ibsouda, S.K. 2016. Methods for in vitro evaluating antimicrobial activity: a review. *Journal of Pharmaceutical Analysis* 6(2): 71-79.
- Bargabus, R.L., Zidack, N.K. and Jacobsen, B.J. 2002. Characterisation of systemic resistance in sugar beet elicited by a non-pathogenic, phyllosphere-colonizing *Bacillus mycoides*, biological control agent. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 61: 289-298.
- Bonomi, G., De Filippis, F., Cesarano, G., La Storia, A., Ercolini, D. and Scala, F. 2016. Organic farming induces changes in soil microbiota that affect agro-ecosystem functions. *Soil Biology and Biochemistry* 103: 327-336.
- Chen, S., Edwards, C.A. and Subler, S. 2001. Effects of the fungicides benomyl, captan and chlorothalonil on soil microbial activity and nitrogen dynamics in laboratory incubations. *Soil Biology and Biochemistry* 33: 1971-1980.
- Chou, Y.M., Shen, F.T., Chiang, S.C. and Chang, C.M. 2017. Functional diversity and dominant populations of bacteria in banana plantation soils as influenced by long-term organic and conventional farming. *Applied Soil Ecology* 110: 21-33.
- Chu, S., Zhang, D., Zhi, Y., Wang, B., Chi, C., Zhang, D., Liu, Y. and Zhou, P. 2018. Enhanced removal of nitrate in the maize rhizosphere by plant growth-promoting *Bacillus megaterium* NCT-2, and its colonization pattern in response to nitrate. *Chemosphere* 208: 316-324.
- Cyco?, M., Piotrowska-Seget, Z. and Kozdrój, J. 2010. Responses of indigenous microorganisms to a fungicidal mixture of mancozeb and dimethomorph added to sandy soils. *Int. Biodeterioration & Biodegradation* 64(4): 316-323.
- Cycon, M., Markowicz, A. and Piotrowska-seget, Z. 2013. Structural and functional diversity of bacterial community in soil treated with the herbicide napropamide estimated by the DGGE, CLPP and r/K-strategy approaches. *Applied Soil Ecology* 72: 242-250.
- de Vos, P., Garrity, G.M., Jones, D., Krieg, N.R., Ludwig, W., Rainey, F.A., Schleifer, K.H. and Whitman, W.B. 2009. *Bergey's manual of systematic bacteriology* (WB Whitman, Ed.). second. Springer, Athens, USA.
- Fantke, P., R. Charles, L.F. de Alencastro, R. Friedrich, and O. Jolliet. 2011. Plant uptake of pesticides and human health: dynamic modeling of residues in wheat and ingestion intake. *Chemosphere* 85(10): 1639-1647.
- Fu, L., Ruan, Y., Tao, C., Li, R. And Shen, Q. 2016. Continuous application of bioorganic fertilizer induced resilient culturable bacteria community associated with banana *Fusarium* wilt suppression. *Nat. Publ. Gr.* (2): 1-11.
- Hartmann, M., Fliessbach, A., Oberholzer, H. and Widmer, F. 2006. Ranking the magnitude of crop and farming system effects on soil microbial biomass and genetic structure of bacterial communities. *FEMS Microbiology Ecology* 57: 378-388.
- Hartmann, M., Frey, B., Mayer, J., Mader, P. and Widmer, F. 2015. Distinct soil microbial diversity under long-term organic and conventional farming. *ISME Journal* 9: 1177-1194.
- Hättenschwiler, S., Tiunov, A.V. and Scheu, S. 2005. Biodiversity and litter decomposition in terrestrial ecosystems. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 36(1): 191-218.
- Hermann, T. 2003. Industrial production of amino acids by coryneform bacteria. *Journal of Biotechnology* 104: 155-172.
- Huang, F., Zhang, Y., Zhang, L., Wang, S., Feng, Y. And Rong, N. 2019. Complete genome sequence of *Bacillus megaterium* JX285 isolated from *Camellia oleifera* rhizosphere. *Computational Biology and Chemistry* 79(11): 1-5.
- Indahwati, R. 2012. Pengaruh sistem pertanian ramah lingkungan terhadap kualitas tanah pada lahan apel di kelompok tani Makmur Abadi, Tulungrejo, Kota Batu.
- Janse, J.D. 2005. *Phytobacteriology?: Principles and Practice*. CABI Publishing, Wageningen, Netherlands.
- Li, L., Qu, Z., Jia, R., Wang, B., Wang, Y. and Qu., D 2017. Excessive input of phosphorus significantly affects microbial Fe (III) reduction in flooded paddy soils by changing the abundances and community structures of *Clostridium* and *Geobacteraceae*. *Science of the Total Environment* 607-608: 982-991.
- Lo, C.-C. 2010. Effect of pesticides on soil microbial community. *Journal of Environmental Science and Health Part B* 45(5): 348-359.
- Ludwig, J.A. and Reynolds, J.F. 1988. *Statistical ecology: Primer on methods and computing*. John Wiley and Sons Inc., Canada.

- Lupwayi, N.Z., Harker, K.N., Dosedall, L.M., Turkington, T.K., Blackshaw, R.E., O'Donovan, J.T., Cárcamo, H.A., Otani, J.K. and Clayton, G.W. 2009. Changes in functional structure of soil bacterial communities due to fungicide and insecticide applications in canola. *Agriculture, Ecosystem, and Environment* 130(3-4): 109-114.
- LV, Q., Chen, C., Xu, Y., Hu, S., Wang, L., Sun, K., Chen, X. and Li, X. 2017. Optimization of *Agrobacterium tumefaciens* - mediated transformation systems in tea plant (*Camellia sinensis*). *Horticultural Plant Journal* 3(3): 105-109.
- Meenakshi, S.N., Jeyaramraja, P.R. and Rajesh, M. 2007. Degradation of the fungicides, azoxystrobin and difenoconazole in soil and their influence on soil microbial activity. *Pest Technology* 1(2): 133-138.
- Mendes, L.W., Tsai, S.M., Navarrete, A.A., de Hollander, M., van Veen, J.A. and Kuramae, E.E. 2015. Soil-borne microbiome: linking diversity to function. *Microbial Ecology* 70(1): 255-265..
- Muhammad, A. 2015. Berbisnis Jagung Manis Hasilnya Melangit. *Malangtimes*. <http://www.malangtimes.com/baca/5416/2/20151023/092044/berbisnis-jagung-manis-hasilnya-melangit/> (accessed 8 February 2018).
- Nimtz, M., Mort, A., Wray, V., Domke, T., Zhang, Y., Coplin, D.L. and Geider, K. 1996. Structure of stewartan, the capsular exopolysaccharide from the corn pathogen *Erwinia stewartii*. *Carbohydrate Research* 288: 189-201.
- Pailan, S., Gupta, D., Apte, S., Krishnamurthi, S. and Saha, P. 2015. Degradation of organophosphate insecticide by a novel *Bacillus aryabhatai* strain SanPS1, isolated from soil of agricultural field in Burdwan, West Bengal, India. *International Biodeterioration and Biodegradation* 103: 191-195.
- Perez-piqueres, An., Edel-hermann, V., Alabouvette, C. and Steinberg, C. 2006. Response of soil microbial communities to compost amendments. *Soil Biology and Biochemistry* 38: 460-470.
- Ramesh, A., Sharma, S.K., Sharma, M.P., Yadav, N. and Joshi, O.P. 2014. Inoculation of zinc solubilizing *Bacillus aryabhatai* strains for improved growth, mobilization and biofortification of zinc in soybean and wheat cultivated in Vertisols of central India. *Applied Soil Ecology* 73: 87-96.
- Sang, M.K., and Kim, K.D. 2012. Plant growth-promoting rhizobacteria suppressive to *Phytophthora* blight affect microbial activities and communities in the rhizosphere of pepper (*Capsicum annuum* L.) in the field. *Applied Soil Ecology* 62: 88-97.
- Schaad, N.W., Jones, J.B. and Chun, W. 2001. Laboratory guide for identification of plant pathogenic bacteria. APS Press, Minnesota, USA.
- Schutte, U.M.E., Abdo, S.Z., Foster, S.J., Ravel, S.J., Bunge, J., Solheim, B. and Forney, L.J. 2010. Bacterial diversity in a glacier foreland of the high Arctic. *Molecular Ecology* 19: 54-66. d
- Shen, Z., Zhong, S., Wang, Y., Wang, B., Mei, X., Li, R., Ruan, Y. And Shen, Q. 2013. European Journal of Soil Biology Induced soil microbial suppression of banana fusarium wilt disease using compost and biofertilizers to improve yield and quality. *European Journal of Soil Biology* 57: 1-8.
- Singh, N., Gupta, S., Marwa, N., Pandey, V., Verma, P.C., Rathaur, S. and Singh, N. 2016. Arsenic mediated modifications in *Bacillus aryabhatai* and their biotechnological applications for arsenic bioremediation. *Chemosphere* 164: 524-534.
- Smith, K.P. and Goodman, R.M. 1999. Host variations for interactions with beneficial plant-associated microbes. *Annual Review of Phytopathology* 37: 473-491.
- Sułowicz, S. and Piotrowska-Seget, Z. 2016. Response of microbial communities from an apple orchard and grassland soils to the first-time application of the fungicide tetraconazole. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 124: 193-201.
- Tchagang, C.F., Xu, R., Overy, D., Blackwell, B., Chabot, D., Hubbard, K. And Tambong, T. 2018. Diversity of bacteria associated with corn roots inoculated with Canadian woodland soils, and description of *Pseudomonas*. *Heliyon* (8): 1-25.
- Tomer, V. and Sangha, J.K. 2013. Vegetable processing at household level: effective tool against pesticide residue exposure. *Journal of Environmental Science, Toxicology, and Food Technology* 6(2): 43-53.
- Turnbull, P.C.B., Sirianni, N.M., Lebron, C.I., Samaan, M.N., Sutton, F.N., Reyes, A.E. and L.F.P. Jr. 2004. MICs of selected antibiotics for *Bacillus anthracis*, *Bacillus cereus*, *Bacillus thuringiensis*, and *Bacillus mycoides* from a range of clinical and environmental sources as determined by the Etest. *Journal of Clinical Microbiology* 42(8): 3626-3634. doi: 10.1128/JCM.42.8.3626.
- Voidarou, C., Bezirtzoglou, E., Alexopoulos, A., Plessas, S., Stefanis, C., Papadopoulos, I,

- Vavias, S., Stavropoulou, E., Fotou, K., Tzora, A. and Skoufos, I. 2011. Occurrence of *Clostridium perfringens* from different cultivated soils. *Anaerobe* 17(6): 320-324.
- Walia, A., Mehta, P., Guleria, S., Chauhan, A. and Shirkot, C.K. 2014. Impact of fungicide mancozeb at different application rates on soil microbial populations, soil biological processes, and enzyme activities in soil. *Science World Journal* 4: 1-9.
- Wang, H.C., Chen, X.J., Cai, L.T., Cao, Y., Lu, N., Xia, H.Q., Wang, M.S. and Shang, S.H. 2013. Race distribution and distribution of sensitivities to mefenoxam among isolates of *Phytophthora parasitica* var. *nicotianae* in Guizhou province of China. *Crop Protection* 52: 136-140.
- White, D.C. and McNaughton, S.J. 1997. Chemical and molecular approaches for rapid assessment of the biological status of soils. p. 371-396. In Pankhurst, C.E., Doube, B.M., Gupta, V.V.S.R. (eds.), CAB International. CAB International.
- Xu, S. 2000. Environmental fate of mancozeb. Sacramento, CA.
- Yeates, G.W. and Saggar, S. 1998. Comparison of soil microbial properties and fauna under tussock - grassland and pine plantation. *Journal of Royal Society of New Zealand* 28(3): 523-535.
- Yu, Y., Chu, X., Pang, G., Xiang, Y. and Fang, H. 2009. Effects of repeated applications of fungicide carbendazim on its persistence and microbial community in soil. *Journal of Environmental Science* 21(2): 179-185.