

INTISARI

Tujuan penelitian yang dilakukan untuk mengetahui perbedaan keragaman, penyebab distribusi dan komposisi fungi pada jagung. Penelitian dilakukan dengan metode survei pada lahan jagung di Dusun Bompon, Desa Wonogiri, Kecamatan Kajoran, Kabupaten Magelang. Lahan jagung tersebut memiliki tiga zona kemiringan lereng, yaitu residual, erosional, dan deposisional. Pengambilan sampel dilakukan berdasarkan respon pertumbuhan jagung yang normal dan abnormal yang diamati secara visual pada setiap zona. Sampel yang digunakan merupakan akar dan tanah rhizosfer jagung untuk dilakukan analisis keragaman fungi. Sampel akar digunakan untuk analisis infeksi mikoriza, kapasitas pertukaran kation (KPK) akar, keragaman fungi, dan analisis kelimpahan fungi. Sampel tanah rhizosfer digunakan untuk analisis kandungan glomalin dan spora mikoriza. Teknik Next Generation Sequencing (NGS) untuk amplicon sequencing yang diampifikasi dengan primer ITS1-1F (*for endopytic*) yang memiliki panjang 200-400 pasang basa dengan urutan basa *forward*: 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3' dan *reverse*: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'. Hasil penelitian menunjukkan bahwa parameter yang diamati memperlihatkan bahwa mikoriza tidak berbeda nyata pada ketiga zona lereng dan terjadi perubahan komposisi kelimpahan fungi pada jagung. mikoriza yang tidak berkembang pada lahan jagung bukan merupakan penyebab perbedaan respon pertumbuhan jagung.

Kata kunci: Jagung, zona lereng, *Next Generation Sequencing*, keragaman *fungi*

ABSTRACT

The aim of the research was to determine differences in diversity, distribution and composition of fungi in maize. The research was conducted by survey method on maize fields in Bompon, Wonogiri, Kajoran, Magelang. The maize field has three slope zones, residual, erotional, and depositional. Sampling was carried out based on the response of normal and abnormal maize growth that was visually observed in each zone. The samples were the roots and rhizosphere soil of maize for analysis of the fungi diversity. Root samples were used for analysis of mycorrhizal infection, root cation exchange capacity (CEC), diversity of fungi, and analysis of fungal abundance. Rhizosphere soil samples were used to analyze the content of glomalin and mycorrhizal spores. Next Generation Sequencing (NGS) technique for amplicon sequencing which is amplified with primer ITS1-1F (for endophytic) which has a length of 200-400 base pairs with forward base sequence: 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3' and reverse: 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3 '. The results showed that the observed parameters showed that mychorrizae was not significantly different in the three slope zones and there was a change in the composition of the abundance of fungi in maize. Mychorrizae does not develop on maize fields is not causing the differences in the response of maize growth.

Keywords: Maize, slope zones, Next Generation Sequencing, fungal abundance