

PATOBIOOMA PENYAKIT BUSUK PELEPAH PADI

INTISARI

Penyakit busuk pelepah padi merupakan penyakit yang dapat disebabkan oleh kompleks patogen. Pendekatan patobioma diharapkan mampu untuk menanggulangi penyakit tersebut dengan mempelajari interaksi antara patogen, tanaman inang, faktor lingkungan serta struktur mikroba yang terlibat dalam penyakit tersebut. Penelitian ini bertujuan untuk (1) Memetakan sebaran penyakit busuk pelepah padi di Provinsi Lampung; (2) Mengidentifikasi penyebab busuk pelepah padi di Provinsi Lampung; (3) Mengetahui pengaruh unsur kimia tanah terhadap perkembangan penyakit busuk pelepah padi; (4) Menentukan pola penyebaran dan model perkembangan penyakit busuk pelepah padi berdasarkan kondisi agroklimat; (5) Menguraikan komposisi mikrobioma pada tanaman padi yang berkaitan dengan perkembangan penyakit busuk pelepah padi. Metode yang digunakan yaitu pengambilan sampel untuk pengamatan intensitas penyakit, identifikasi molekuler secara mikroskopis dan molekuler, pengamatan faktor agroklimat dan unsur hara tanaman, dan analisis mikrobioma pada tanaman padi dengan menggunakan *oxford nanophore technology* (ONT). Hasil penelitian menunjukkan bahwa penyakit busuk pelepah padi sudah tersebar di sejumlah wilayah Provinsi Lampung dengan intensitas penyakit berkisar 10,5% sampai dengan 36,2%. Jamur patogen yang ditemukan berasosiasi dengan penyakit busuk pelepah padi yaitu *Sarocladium oryzae*, *Sarocladium sparsum*, *Fusarium bubalinum*, *Fusarium hainanense*, *Curvularia geniculata*, *Alternaria padwickii*, dan *Setophoma poaceicola*. Sedangkan bakteri patogen yang berasosiasi yaitu *Xanthomonas sacchari* dan *Burkholderia gladioli*. Kejadian dan intensitas penyakit busuk pelepah padi tinggi pada lahan dengan kandungan Fe rendah, C1 tinggi, dan pH asam. Komponen agroklimat yang mempengaruhi kejadian dan intensitas penyakit busuk pelepah padi secara langsung yaitu intensitas cahaya matahari, suhu udara, kelembapan relatif (RH), dan curah hujan. Penyebaran penyakit busuk pelepah padi di lapangan mengikuti pola agregasi dengan model perkembangan penyakit monosiklik dan polisiklik. Berdasarkan analisis metagenomik, *Sarocladium sparsum* merupakan patogen utama penyakit busuk pelepah padi. *Cladophialophora pucciniophila* dan *Cladosporium* sp. diduga berperan dalam menghambat perkembangan penyakit busuk pelepah padi.

Kata kunci: busuk pelepah padi, *Cladophialophora pucciniophila*, *Cladosporium* sp., *Fusarium* sp., *Sarocladium sparsum*.

PATHOBIOME OF RICE SHEATH ROT DISEASE

ABSTRACT

Rice sheath rot is a complex disease that can be caused by several pathogens. The pathobiome approach is expected to be able to overcome this disease by studying the interactions between pathogens, host plants, environmental factors and the structure of the microbes involved in the disease. This research aims to (1) map the distribution of rice sheath rot disease in Lampung Province; (2) Identify the pathogens of rice sheath rot in Lampung Province; (3) determine the effect of soil chemical elements on the development of rice sheath rot disease; (4) determine the distribution pattern and development model of rice sheath rot disease based on agroclimate conditions; (5) describe the composition of the microbiome in rice plants in relation to the development of rice sheath rot disease. The methods used were sampling to observe disease intensity, microscopic and molecular identification, observation of agroclimate factors and plant nutrients, and analysis of the microbiome in rice plants using Oxford Nanopore Technology (ONT). The study found that the rice sheath rot disease had spread in a number of areas in Lampung Province with intensity ranging from 10.5% to 36.2%. Pathogenic fungi found to be associated with rice rot disease were *Sarocladium oryzae*, *Sarocladium sparsum*, *Fusarium bubalinum*, *Fusarium hainanense*, *Curvularia geniculata*, *Alternaria padwickii*, and *Setophoma poaceicola*. Meanwhile, the associated pathogenic bacteria were *Xanthomonas sacchari* and *Burkholderia gladioli*. The incidence and intensity of rice sheath rot disease are high in soil field with low Fe content, high Cl, and acidic pH. Agroclimatic components directly affecting the incidence and intensity of rice sheath rot disease include sunlight intensity, air temperature, relative humidity (RH), and rainfall. The spread of rice sheath rot disease in the field followed an aggregation pattern with a monocyclic and polycyclic disease development model. Based on metagenomic analysis, *Sarocladium sparsum* was the main pathogen of rice sheath rot disease. *Cladophialophora pucciniophila* and *Cladosporium* sp. were thought to act a role in inhibiting the development of rice sheath rot disease.

Keywords: *Cladophialophora pucciniophila*, *Cladosporium* sp., *Fusarium* sp., *rice sheath rot*, *Sarocladium sparsum*