

INTISARI

Permasalahan dalam budidaya bawang merah sebagai komoditas penting di Indonesia salah satunya adalah kompleks bakteri patogen. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi bakteri patogen penyebab penyakit bawang merah di sentra produksi bawang merah Kabupaten Bantul. Identifikasi molekuler dilakukan dengan mengurutkan sekuens gen 16S *rDNA*. Didapat 3 bakteri patogen yang terbukti positif pada reaksi hipersensitif tembakau dan telah dikonfirmasi melalui uji postulat Koch. Bakteri patogen yang diisolasi adalah *Pseudomonas aureoginosa* (A16), *Pectobacterium carotovorum* (K), dan *Klebsiella pneumoniae* (P). Hasil uji fisiologis-biokimia menunjukkan bahwa semua isolat memiliki sifat gram negatif, serta menunjukkan hasil positif pada uji katalase. Namun, dalam pengujian oksidase, hanya isolat A16 yang menunjukkan hasil positif, sementara isolat lainnya menunjukkan hasil negatif. Hasil uji oksidatif fermentatif menunjukkan bahwa hanya isolat A16 yang bersifat oksidatif. Selain itu, pada uji hidrolisis gelatin, isolat A16 menunjukkan hasil positif, sementara isolat lainnya menunjukkan hasil negatif. Pada uji hidrolisis pati, hanya isolat K yang menunjukkan sifat negatif. Terakhir, dalam uji pembentukan levan, hanya isolat A16 yang menunjukkan sifat negatif. Hasil uji antagonis secara *in vitro* yaitu hanya *B. velezensis* (B27) yang mampu menghambat pertumbuhan 3 bakteri patogen bawang merah dengan zona hambat berkisar antara 5,17 mm (B27 x A16), 13,30 mm (B27 x K) dan 3,33 mm (B27 x P). Sedangkan hasil uji antagonis secara *in vivo* menunjukkan bahwa *B. velezensis* tidak mampu menurunkan intensitas penyakit, namun dapat meningkatkan parameter agronomi seperti jumlah daun, jumlah anakan dan berat basah tanaman.

Kata Kunci: Bawang merah, Identifikasi, kompleks bakteri patogen, sekuens.

Abstract

One of the problems in shallot cultivation, as an important commodity in Indonesia, is the pathogenic bacteria complex. This study aims to identify the pathogenic bacteria that cause shallot disease in shallot production centers in Bantul Regency. Molecular identification was carried out by sequencing the 16S rDNA gene. There were three pathogenic bacteria that proved positive in the tobacco hypersensitivity reaction and were confirmed by Koch's postulate test. The pathogenic bacteria isolated were *Pseudomonas aeruginosa* (A16), *Pectobacterium carotovorum* (K), and *Klebsiella pneumoniae* (P). The results of physiological-biochemical tests showed that all isolates had gram-negative properties and showed positive results in the catalase test. However, in the oxidase test, only isolate A16 showed positive results, while other isolates showed negative results. The fermentative oxidative test results show that only isolate A16 is oxidative. In addition, in the gelatin hydrolysis test, isolate A16 showed positive results, while other isolates showed negative results. In the starch hydrolysis test, only isolate K showed negative properties. Finally, in the levan formation test, only isolate A16 showed negative properties. The results of antagonistic tests *in vitro* show that only *B. velezensis* (B27) is able to inhibit the growth of the three pathogenic bacteria of shallots, with inhibition zones ranging from 5.17 mm (B27 x A16), 13.30 mm (B27 x K), and 3.33 mm (B27 x P). While the results of the *in vivo* antagonist test showed that *B. velezensis* was not able to reduce disease intensity, it could increase agronomic parameters such as the number of leaves, the number of tillers, and the wet weight of plants.

Keywords: Identification, pathogen bacterial complex, sequencing, shallot.