

INTISARI

Petani cabai di Kapanewon Pakem, Yogyakarta menggunakan pestisida dengan bahan aktif difenokonazol sebagai fungisida. Difenokonazol termasuk golongan triazol yang sulit terdegradasi di lingkungan. Salah satu upaya untuk mengurangi dampak dari penggunaan difenokonazol yaitu dengan biodegradasi menggunakan bakteri sebagai agen. Tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengisolasi, mengidentifikasi bakteri dan mengevaluasi kemampuan bakteri dalam mendegradasi difenokonazol. Hasil menunjukkan bahwa seluruh bakteri dapat tumbuh dan mampu mendegradasi difenokonazol. Isolat bakteri yang diperoleh mampu mendegradasi difenokonazol dalam waktu 48 jam dengan tingkat biodegradasi sebagai berikut; isolat 1A sebesar 78.7%; isolat 1B sebesar 38.8%; isolat 1E sebesar 75.1%; isolat 1G sebesar 67.7%; isolat 2A sebesar 55.2%; isolat 2B sebesar 72%; isolat 2C sebesar 56.9%; dan isolat 2D sebesar 79%. 2. Hasil proses identifikasi menggunakan 16s rRNA menunjukkan seluruh isolat termasuk ke dalam kelompok *Bacillus* sp. Isolat bakteri memiliki kemiripan sekuen dengan sekuen yang terdapat di situs NCBI sebagai berikut. Isolate 1A dengan *Bacillus albus*, Isolat 1B dengan *Bacillus subtilis*, isolate 1D dengan *Bacillus proteolyticus*, isolate 1E dengan *Bacillus thuringiensis*, isolate 1G dengan *Bacillus tropicus*, isolate 2A dengan *Bacillus mobilis*, isolate 2B dengan *Bacillus paramobilis*, isolate 2C dengan *Bacillus toyonensis*, dan isolate 2D dengan *Bacillus cereus*.

ABSTRACT

Chili farmers in Kapanewon Pakem, Yogyakarta-Indonesia use pesticides with difenoconazole as a fungicide. Difenoconazole is a triazole group that is difficult to degrade in the environment. One effort to reduce the impact of difenoconazole use is biodegradation using microorganisms as an agent. This study is aimed to isolate, identify, and evaluate the ability of bacteria from chili soil farms to degrade difenoconazole. The results showed that all bacteria could grow and degrade difenoconazole. The bacterial isolates obtained were able to degrade difenoconazole at 48 hours with the following biodegradation rates: 78.7% of isolates 1A, 38.8% of isolates 1B, 75.1% of isolates 1E, 67.7% of isolates 1G, 55.2% of isolates 2A, 72% of isolates 2B, 56.9% of isolates 2C, and 79% of isolates 2D. The results of the identification process using 16s rRNA showed that all isolates were *Bacillus* sp. Bacteria that degrade difenoconazole were identified using 16S rRNA, and the sequences were similar to those found at NCBI. Isolate 1A with *Bacillus albus*, Isolate 1B with *Bacillus subtilis*, isolate 1D with *Bacillus proteolytic*, isolate 1E with *Bacillus thuringiensis*, isolate 1G with *Bacillus tropicus*, isolate 2A with *Bacillus mobilis*, isolate 2B with *Bacillus paramobilis*, isolate 2C with *Bacillus toyonensis*, and isolate 2D with *Bacillus cereus*.