

MENGUNGKAP RAHASIA MIKROBIOMA JAGUNG TAHAN KEKERINGAN: SELEKSI MIKROBIOMA RIZOSFER DARI BERBAGAI SUMBER TANAH

Oleh:

Suci Dwi Monda

INTISARI

Perubahan iklim global menyebabkan peningkatan frekuensi kekeringan yang berdampak signifikan terhadap penurunan produktivitas tanaman. Mikrobioma rizosfer merupakan komunitas mikroorganisme di sekitar akar tanaman yang mampu meningkatkan ketahanan tanaman terhadap cekaman abiotik seperti kekeringan. Penelitian ini bertujuan untuk mengeksplorasi dan menyeleksi mikrobioma rizosfer dari tiga sumber tanah berbeda (Dairi, Sumber Jaya, dan Ciwidey) untuk meningkatkan ketahanan tanaman jagung lokal Madura terhadap kekeringan dengan pendekatan *Host-Mediated Microbiome Engineering* (HMME).

Penelitian terdiri atas tiga tahap, yaitu tahap penentuan mikrobioma, seleksi mikrobioma berdasarkan fenotipe tanaman tahan kering, dan tahap uji konfirmasi. Parameter yang diamati meliputi biomassa tanaman (berat kering akar dan pucuk), parameter fotosintesis (A, gs, E, WUE, dan Φ PSII), serta analisis komposisi dan fungsi mikrobioma menggunakan PCR RISA, amplicon sequencing, serta prediksi genetik fungsional (FunFun untuk jamur dan PICRUST2 untuk bakteri).

Hasil penelitian menunjukkan bahwa mikrobioma dari tanah Sumber Jaya secara signifikan meningkatkan pertumbuhan tanaman, efisiensi fotosintesis, efisiensi penggunaan air, serta menurunkan laju transpirasi. Komunitas mikroba dominan yang berasosiasi dengan tanaman tahan kekeringan antara lain *Streptomyces coeruleorubidus* dan *Penicillium*. Gen-gen fungsional seperti ACC deaminase, serta gen fotosintesis (*paaH*, *hbd*, *fadB* dan *mmgB*) ditemukan lebih tinggi pada kelompok perlakuan. Hasil ini menunjukkan potensi pemanfaatan mikrobioma rizosfer sebagai bioinokulan untuk meningkatkan ketahanan tanaman terhadap kekeringan secara berkelanjutan.

Kata kunci: mikrobioma rizosfer, kekeringan, jagung lokal Madura, HMME, ACC deaminase

UNLOCKING THE SECRETS OF DROUGHT-RESISTANT MICROBIOME: RHIZOSPHERE MICROBIOME SELECTION FROM DIVERSE SOIL

By:

Suci Dwi Monda

ABSTRACT

Global climate change increases drought frequency and reduces crop productivity. The rhizosphere microbiome, a microbial community around plant roots, helps plants tolerate abiotic stress such as drought. This study aimed to explore and select rhizosphere microbiomes from three soil sources (Dairi, Sumber Jaya, and Ciwidey) to improve drought tolerance in local Madura maize using the Host-Mediated Microbiome Engineering (HMME) approach.

The study consisted of three phases: microbiome determination, selection based on drought-tolerant plant phenotypes, and confirmation testing. Observed parameters included plant biomass (root and shoot dry weight), photosynthetic performance (A, g_s , E, WUE, and $\Phi PSII$), and microbial composition and function analysed by PCR RISA, amplicon sequencing, and functional prediction tools (FunFun for fungi and PICRUST2 for bacteria).

Microbiomes from Sumber Jaya significantly improved plant growth, photosynthesis efficiency, water use efficiency, and reduced transpiration rate. Dominant microbes associated with drought-tolerant plants were *Streptomyces* and *Penicillium*. Functional genes, such as ACC deaminase and photosynthetic genes (*paaH*, *hbd*, *fadB*, and *mmgB*), were more abundant in treated plants. These results suggest that rhizosphere microbiomes have the potential to serve as bioinoculants for sustainably improving plant drought tolerance.

Keywords: rhizosphere microbiome, drought, local Madura maize, HMME, and ACC deaminase