PROFIL KOMUNITAS BAKTERI BERBASIS METABARCODING DAN KARAKTERISASI ISOLAT BAKTERI POTENSIAL DARI
SERASAH KELAPA SAWIT (Elaeis guineensis Jacq.) SEBAGAI ANTIFUNGI TERHADAP Ganoderma boninense Pat.
Putri Hezekiel Claracia Simanjuntak, Dr. Aprilia Sufi Subiastuti, S.Si. ; Prof. Rina Sri Kasiamdari, S.Si., Ph.D
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

PROFIL KOMUNITAS BAKTERI BERBASIS *METABARCODING* DAN KARAKTERISASI ISOLAT BAKTERI POTENSIAL DARI SERASAH KELAPA SAWIT (*Elaeis guineensis* Jacq.) SEBAGAI ANTIFUNGI TERHADAP *Ganoderma boninense* Pat.

INTISARI

Industri kelapa sawit menghasilkan limbah organik dalam jumlah besar, termasuk serasah daun dan pelepah yang berperan penting dalam proses dekomposisi dan siklus hara. Serasah kelapa sawit merupakan habitat berbagai bakteri yang berpotensi menghasilkan enzim hidrolitik dan metabolit antifungi sehingga dapat dimanfaatkan sebagai agen pengendali hayati terhadap *Ganoderma boninense*, penyebab utama penyakit busuk pangkal batang pada kelapa sawit. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi profil komunitas bakteri serasah kelapa sawit menggunakan pendekatan *metabarcoding* berbasis gen 16S rRNA, mengisolasi dan mengkarakterisasi bakteri secara *in vitro*, serta mengevaluasi potensinya sebagai antifungi terhadap *G. boninense*. Analisis *metabarcoding* dilakukan menggunakan platform *Oxford Nanopore Technologies* (ONT) MinION Mk1B, sedangkan isolasi bakteri dilakukan pada media *Nutrient Agar* yang diperkaya kitin koloid. Aktivitas antagonis diuji melalui kultur ganda, pelet, dan supernatan menggunakan parameter *Percentage Inhibition of Radial Growth* (PIRG). Hasil sekuensing menghasilkan 57.100 *reads* dengan 13.533 ASV unik setelah proses penyaringan kualitas. Komunitas bakteri didominasi oleh filum Proteobacteria (33,2%), Actinobacteriota (24,3%), dan Bacteroidota (11,6%), dengan genus dominan *Actinoplanes* (4,23%), *Sphingomonas* (3,57%), dan *Streptomyces* (2,75%). Analisis komplementer menggunakan Kraken2–Bracken hingga tingkat spesies mengidentifikasi keberadaan bakteri yang berasosiasi dengan proses dekomposisi dan siklus hara, seperti *Ligilactobacillus salivarius*, *Steroidobacter denitrificans*, *Flavisolibacter ginsenosidimutans*, dan *Leptolyngbya* sp. Nilai indeks keanekaragaman menunjukkan komunitas bakteri yang sangat beragam dengan nilai Shannon rata-rata 8,02 ± 0,15. Prediksi fungsional PICRUSt2 mengidentifikasi keberadaan jalur degradasi kitin dan enzim *chitinase* (EC 3.2.1.14) pada seluruh sampel. Isolasi bakteri menghasilkan 28 isolat dengan dominasi bakteri Gram positif. Uji antagonis menunjukkan bahwa seluruh isolat terpilih memiliki aktivitas penghambatan kuat terhadap *G. boninense*. Isolat EGTD 4 menunjukkan nilai PIRG tertinggi pada uji kultur langsung (82,44%), isolat EGTD 7 pada uji pelet (79,08%), dan isolat EGTT 12 pada uji supernatan (89,42%).

Kata Kunci : Serasah kelapa sawit, Antifungi, NGS, bakteri, Serasah, *Ganoderma boninense*

PROFIL KOMUNITAS BAKTERI BERBASIS METABARCODING DAN KARAKTERISASI ISOLAT BAKTERI POTENSIAL DARI
SERASAH KELAPA SAWIT (Elaeis guineensis Jacq.) SEBAGAI ANTIFUNGI TERHADAP Ganoderma boninense Pat.
Putri Hezekiel Claracia Simanjuntak, Dr. Aprilia Sufi Subiastuti, S.Si. ; Prof. Rina Sri Kasiamdari, S.Si., Ph.D
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

METABARCODING-BASED PROFILE OF BACTERIAL COMMUNITIES AND CHARACTERIZATION OF POTENTIAL BACTERIAL ISOLATES FROM OIL PALM (*Elaeis guineensis* Jacq.) LITTER AS ANTIFUNGALS AGAINST *Ganoderma boninense* Pat.

ABSTRACT

The palm oil industry generates large amounts of organic waste, including leaf litter and fronds, which play a crucial role in decomposition and nutrient cycling. Oil palm litter serves as a habitat for various bacteria that potentially produce hydrolytic enzymes and antifungal metabolites, making them promising biocontrol agents against *Ganoderma boninense*, the primary causal agent of basal stem rot disease in oil palm. This study aimed to profile the bacterial community of oil palm litter using a 16S rRNA gene-based metabarcoding approach, isolate and characteristically culture the bacteria, and evaluate their antifungal potential against *G. boninense*. Metabarcoding analysis was performed using the Oxford Nanopore Technologies (ONT) MinION Mk1B platform, while bacterial isolation was conducted on Nutrient Agar media enriched with colloidal chitin. Antagonistic activity was evaluated through dual culture, pellet, and supernatant assays using the Percentage Inhibition of Radial Growth (PIRG) parameter. Sequencing analysis generated 57,100 reads with 13,533 unique Amplicon Sequence Variants (ASVs) after quality filtering. The bacterial community was dominated by the phyla Proteobacteria (33.2%), Actinobacteriota (24.3%), and Bacteroidota (11.6%), with *Actinoplanes* (4.23%), *Sphingomonas* (3.57%), and *Streptomyces* (2.75%) as the predominant genera. Complementary species-level analysis using Kraken2-Bracken identified several bacteria associated with decomposition and nutrient cycling processes, *including Ligilactobacillus salivarius*, *Steroidobacter denitrificans*, *Flavisolibacter ginsenosidimutans*, and *Leptolyngbya* sp. Diversity index values indicated a highly diverse bacterial community, with an average Shannon index of 8.02 ± 0.15. PICRUSt2 functional prediction identified the presence of chitin degradation pathways and the chitinase enzyme (EC 3.2.1.14) across all samples. Bacterial isolation yielded 28 isolates, predominantly Gram-positive bacteria. Antagonistic assays demonstrated that all selected isolates exhibited strong inhibitory activity against *G. boninense*. Isolate EGTD 4 showed the highest PIRG value in the dual culture assay (82.44%), isolate EGTD 7 in the pellet assay (79.08%), and isolate EGTT 12 in the supernatant assay (89.42%).

Keywords: palm oil litter, antifungal, NGS, bacteria, *Ganoderma boninense*