

BAB I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Degradasi lahan yang terjadi pada masa kini dapat mengganggu kehidupan manusia, sementara itu penambahan populasi manusia di dunia terus meningkat. Peningkatan populasi manusia ini akan membutuhkan produk pertanian yang banyak mulai dari sandang hingga pangan. Hal ini menyebabkan produksi pertanian menurun sehingga harus ditangani untuk mencukupi kebutuhan pertanian yang terus meningkat.

Kegiatan manusia menyebabkan degradasi lahan seperti proses konversi hutan, pertambangan, penggunaan lahan yang tidak sesuai dengan potensi dan kemampuannya, dan pemanfaatan lahan yang tidak berkelanjutan. Kegiatan tersebut dapat menyebabkan kerusakan bentang lahan dan pemiskinan hara tanah. Degradasi lahan yang terjadi di Indonesia, yaitu sebesar 25,1% dari wilayah Indonesia, sementara lahan yang terdegradasi berat dan menjadi lahan kritis luasnya sekitar 48,3 juta ha (Wahyunto & Dariah, 2014). Upaya perbaikan lahan perlu dilakukan melalui pengembangan teknologi yang dapat memperbaiki sifat tanah yang mampu memperkaya bahan organik, penambahan amelioran, pengayaan hara dan diikuti dengan penanaman kembali.

Upaya reklamasi lahan penting untuk dilakukan agar lahan-lahan terdegradasi kritis dapat dimanfaatkan kembali terutama pada bidang pertanian. Salah satu caranya adalah dengan metode revegetasi dengan memanfaatkan tumbuhan tertentu. Tumbuhan yang dapat dimanfaatkan dalam kegiatan revegetasi adalah tumbuhan dengan sifat *fast-growing*. Tumbuhan *fast-growing* yang dipilih adalah tumbuhan yang memiliki kemampuan tumbuh baik meskipun pada lahan yang kurang subur. Dengan kemampuannya tersebut, proses revegetasi akan lebih mudah dalam meningkatkan kesuburan tanah. Salah satu tumbuhan yang dapat digunakan untuk revegetasi lahan adalah *Acacia mearnsii*. *A. mearnsii* adalah tumbuhan invasif yang dapat tumbuh dan beradaptasi dengan mudah pada beraneka ragam habitat yang berbeda seperti pantai, gunung dan area sepanjang aliran sungai (Dessi *et al.*, 2021).

A. mearnsii dikelompokkan dalam famili *Fabaceae*. *Fabaceae* merupakan tumbuhan perintis yang dapat tumbuh pada tanah marginal, dan mampu meningkatkan nutrisi tanah pada tanah. Aktivitas ini, disebabkan oleh kemampuannya dalam melakukan simbiosis terhadap bakteri pengikat nitrogen pada akar dan area rizosfernya. Komunitas mikroba rizosfer memberikan kontribusi yang penting pada proses metabolisme pada tanah. Sekitar 90% dari fungsi tanah, seperti dekomposisi bahan organik, pengikatan nitrogen, peningkatan nutrisi tanah untuk tumbuhan dan organisme tanah, penyimpanan karbon pada humus tanah dan pelepasan secara aktif atau pasif CO₂ dan CH₄ pada tanah dan udara, semuanya dijalankan oleh mikroba (Praeg dan Illmer, 2020). Bakteri rizosfer juga diketahui dapat meningkatkan toleransi tanaman terhadap cekaman kekeringan (Kohler *et al.*, 2008).

Penelitian yang dilakukan oleh Rodríguez-Echeverría *et al.* (2011) berdasarkan bakteri yang diisolasi dan dikarakterisasi dari bintil akarnya, menunjukkan bahwa *Acacia* bersimbiosis dengan bakteri genus *Bradyrhizobium*. Namun, sampai saat ini analisis mengenai keanekaragaman bakteri rizosfer *A. mearnsii* menggunakan metode metagenomik belum pernah dilakukan. Kemampuan *A. mearnsii* dalam bersimbiosis dengan bakteri pada area rizosfer dapat dipelajari dengan mengamati keanekaragaman bakteri rizosfernya. Metode isolasi mikroba konvensional dengan cara kultur hanya mampu mengidentifikasi sebagian kecil mikroorganisme dari sampel lingkungan yang didapatkan, sehingga banyak informasi dan prospek biologi yang potensial tidak dapat dijelaskan dari keanekaragaman mikroorganisme yang tidak dapat dikulturkan (Vester *et al.*, 2015). Hal ini menjadikan studi keanekaragaman mikroorganisme menggunakan metode non-kultur penting untuk dilakukan. Teknologi yang dikembangkan untuk keperluan tersebut dikenal dengan istilah metagenomik.

Metagenomik merupakan metode deteksi bakteri non-kultur yang dapat membantu mempelajari keanekaragaman mikroorganisme tanah. Teknologi tersebut dianggap lebih mudah dan mampu memberikan *output* yang lebih besar sehingga memberikan informasi yang menjanjikan mengenai keanekaragaman mikroorganisme yang penting dan berpotensi mempunyai prospek di masa depan (Sabale *et al.*, 2020).

Kajian metagenomik pada saat ini memanfaatkan teknologi *Next Generation Sequencing* (NGS). Secara umum ada dua pendekatan pada analisis metagenomik menggunakan NGS, yaitu *shotgun metagenomic sequencing* dan *amplicon sequencing* (Breitwieser *et al.*, 2019). Metode *shotgun metagenomic sequencing* melakukan *sequencing* dari DNA metagenom (mgDNA) dari seluruh mikroba pada suatu komunitas. Sementara itu pendekatan metagenomik secara *amplicon sequencing* mendeteksi berbagai macam mikroorganisme yang hidup pada lingkungan dengan melakukan *sequencing* langsung hanya pada gen penanda genetik (*16S rRNA* pada bakteri) dari genom yang diekstraksi dari sampel lingkungan. Hal ini menjadikan pendekatan *amplicon sequencing* membutuhkan biaya dan sumber daya alat yang lebih sedikit dibandingkan *shotgun metagenomic sequencing* (Kaushik *et al.*, 2021). Penelitian mengenai metagenom bakteri rizosfer *A. mearnsii* ini menggunakan pendekatan *amplicon sequencing* pada gen *16S rRNA* region V3-V4.

Gen *16S rRNA* memiliki panjang 1.500 bp yang memiliki *conserved regions* dan *variable regions*. *Conserved regions* pada gen *16S rRNA* memiliki sekuens yang sama pada seluruh bakteri yang ada sehingga dapat digunakan untuk menempelnya primer universal, sedangkan *variable regions* adalah daerah yang diapit oleh *conserved regions* yang sekuensnya memiliki variasi dalam beberapa tingkatan filogenetik bakteri sehingga dapat digunakan untuk pengelompokan taksonomi bakteri. Pasangan primer yang mencakup daerah V3-V4 (341F/806R) pada gen *16S rRNA* adalah pasangan primer yang paling banyak digunakan. Panjang produk dari pasangan primer ini sekitar 464 bp dan telah dilaporkan oleh Klindworth *et al.* (2013) dapat memberikan cakupan dan spektrum filum terbaik dalam analisis keanekaragaman bakteri menggunakan gen *16S rRNA*. Karakteristik tersebut mampu mengurangi bias dalam studi metagenom.

Informasi mengenai bakteri yang bekerja sama dengan *A. mearnsii* ini diharapkan dapat membantu dalam memahami potensi tumbuhan ini terutama pada keanekaragaman mikroba rizosfernya dan pengaruhnya terhadap peningkatan nutrisi tanah. Informasi tersebut dapat digunakan untuk pemanfaatan *A. mearnsii* untuk reklamasi lahan sehingga lebih banyak lahan-lahan kritis yang tidak digunakan dapat bermanfaat bagi pertanian.

B. Rumusan Masalah

1. Bagaimana keanekaragaman komunitas bakteri yang ada pada area rizosfer tumbuhan *A. mearnsii*?
2. Bagaimana kesuburan tanah di sekitar rizosfer yang ditumbuhi *A. mearnsii*?

C. Tujuan

1. Mengetahui keanekaragaman komunitas bakteri pada rizosfer *A. mearnsii*
2. Mengetahui pengaruh komunitas bakteri rizosfer *A. mearnsii* terhadap kesuburan tanah di daerah rizosfer *A. mearnsii*

D. Manfaat Penelitian

Sebagai informasi awal mengenai keanekaragaman komunitas bakteri dan kesuburan tanah pada rizosfer *A. mearnsii* dan mengetahui potensi pemanfaatan tumbuhan *A. mearnsii* dalam reklamasi lahan terutama untuk pertanian.

E. Hipotesis

1. Terdapat perbedaan jumlah dan jenis bakteri pada tanah rizosfer dan kontrol
2. Terdapat pengaruh *A. mearnsii* terhadap sifat kimia tanah

