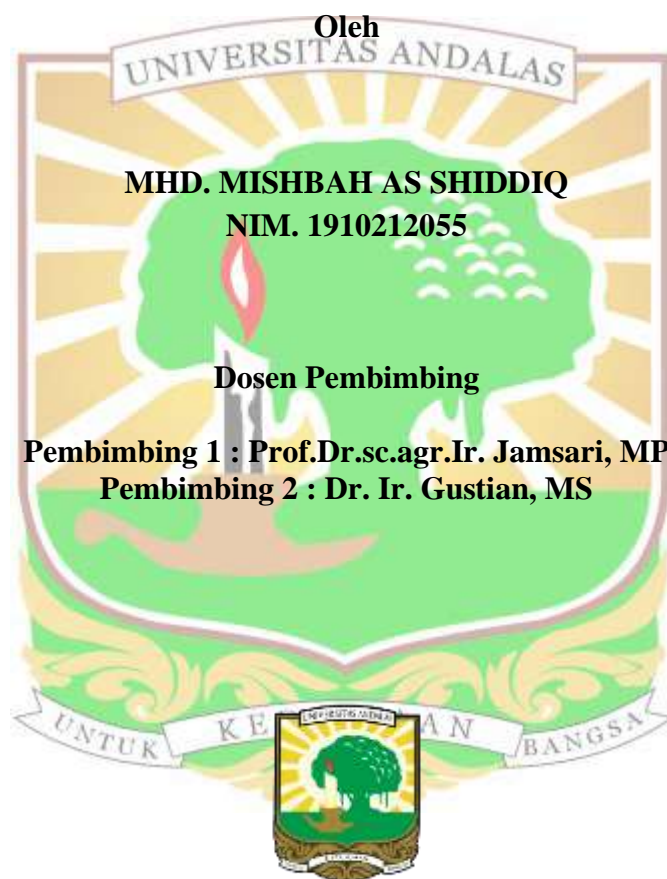


**PROFIL METAGENOMIK BAKTERI ENDOFIT AKAR
AKASIA HITAM (*Acacia mearnsii* De Wild.) DI ALAHAN
PANJANG SUMATERA BARAT DAN KONTRIBUSINYA
TERHADAP KESUBURAN TANAH**

SKRIPSI



**FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2024**

PROFIL METAGENOMIK BAKTERI ENDOFIT AKAR AKASIA HITAM (*Acacia mearnsii* De Wild.) DI ALAHAN PANJANG SUMATERA BARAT DAN KONTRIBUSINYA TERHADAP KESUBURAN TANAH

Abstrak

Acacia mearnsii De Wild. merupakan salah satu tanaman invasif yang termasuk dalam keluarga Mimosaceae dengan kemampuan untuk bersimbiosis dengan bakteri endofit pengikat nitrogen tanah. Kemampuan tersebut secara signifikan dapat berkontribusi pada pertumbuhan, perkembangan tanaman, memperbaiki kualitas dan kesuburan tanah. Identifikasi komunitas bakteri berbasis metagenomik sudah umum diterapkan untuk mempelajari komunitas mikroba di alam secara keseluruhan. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi keanekaragaman bakteri endofit yang hidup di akar akasia hitam dan mengetahui pengaruh bakteri endofit pada akar akasia hitam terhadap kesuburan tanah dan pertumbuhan tanaman. Sampel tanah kontrol dan akar akasia yang ditanam di Alahan Panjang dikoleksi pada umur 45 dan 90 hari setelah tanam. Analisis metagenomik dilakukan melalui amplikon sekuensing dengan target gen 16S rRNA pada daerah V3-V4 menggunakan platform *Next Generation Sequencing* (NGS) dan teknologi *Illumina HiSeq 2000*. Hasil analisis metagenomik bakteri endofit pada akar akasia menunjukkan bahwa akar akasia memiliki keanekaragaman bakteri yang sedikit dibandingkan pada tanah kontrol. Komunitas bakteri pada akar akasia didominasi oleh bakteri genus *Bradyrhizobium* sebesar 91,34% dan 98,04%. Hasil analisis kimia tanah menunjukkan kandungan N-total pada tanah rizosfer lebih tinggi dibandingkan dengan tanah kontrol yang disebabkan tingginya kelimpahan relatif bakteri *Bradyrhizobium* pada akar *Acacia mearnsii* De Wild. Hasil dari penelitian ini dapat digunakan untuk penelitian lanjutan yaitu studi metagenomik fungsional dengan jangka waktu yang lebih lama dan ulangan yang lebih banyak.

Kata kunci : Bintil akar, *Bradyrhizobium*, konservasi, MOthur, *next generation sequencing*

METAGENOMIC PROFILE OF ENDOPHYTIC BACTERIA OF BLACK ACACIA (*Acacia mearnsii* De Wild.) ROOTS IN ALAHAN PANJANG OF WEST SUMATERA AND THEIR CONTRIBUTION TO SOIL FERTILITY

Abstract

Acacia mearnsii De Wild. is one of the invasive plants belonging to the Mimosaceae family with the ability to symbiotize with soil nitrogen-fixing endophytic bacteria. Such ability can significantly contribute to plant growth, development, improve soil quality and fertility. Metagenomic based bacterial community identification is commonly applied to study microbial communities in nature as a whole. This study aimed to obtain information on the diversity of endophytic bacteria living in black acacia roots and determine their on soil fertility and plant growth. Control soil samples and acacia roots planted in Alahan Panjang were collected at 45 and 90 days after planting. Metagenomic analysis was carried out through amplicon sequencing with 16S rRNA gene targets in the V3-V4 region using the Next Generation Sequencing (NGS) platform and Illumina Hiseq 2000 technology. The results of metagenomic analysis of endophytic bacteria in acacia roots showed that acacia roots have less bacterial diversity than in control soil. *Bradyrhizobium* genus bacteria dominated the bacterial community in acacia roots by 91.34% and 98.04%. The results of soil chemical analysis showed that the N-total content in rhizosphere soil was higher than the control soil based on the high relative abundance of *Bradyrhizobium* bacteria on the roots of *Acacia mearnsii* De Wild. The results of this study can be used for further research, namely functional metagenomic studies with a longer period of time and more replicates.

Keywords : *Bradyrhizobium*, conservation, MOTHUR, next generation sequencing, root nodule

