

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Metabarcoding adalah pendekatan molekuler yang menggabungkan prinsip DNA *barcoding* dengan teknologi *high throughput sequencing* DNA untuk mengidentifikasi komposisi taksonomi dari banyak spesies sekaligus dalam suatu sampel campuran. Teknik ini diawali dengan pengambilan sampel dari lingkungan tertentu untuk dilakukannya ekstraksi DNA yang terkandung dalam sampel tersebut. DNA yang telah diperoleh kemudian diperbanyak menggunakan primer sebelum dilakukan proses sekuensing dengan teknologi pembacaan pendek seperti Illumina maupun pembacaan panjang seperti Oxford Nanopore (Mittelstrass *et al.*, 2025). Dibandingkan dengan metode kultur konvensional yang memerlukan banyak tenaga dan waktu terbatas dalam mengungkap keragaman organisme, *metabarcoding* memiliki keunggulan dalam mendeteksi berbagai spesies secara bersamaan dari sampel lingkungan yang kompleks. Melalui metode ini, sebagian besar taksa dominan dari dataset Illumina juga dapat ditentukan yang menunjukkan bahwa keragaman yang lebih tinggi yang diamati. Hal ini menunjukkan bahwa *metabarcoding* dengan pendekatan *short-read* maupun *long-read* dapat memberikan wawasan yang lebih lengkap tentang komunitas jamur dibandingkan dengan metode kultur tradisional (Bacova *et al.*, 2024).

Metode non-*metabarcoding* seperti isolasi tradisional semakin menunjukkan keterbatasannya dalam studi keanekaragaman mikroba, terutama dalam konteks deteksi patogen seperti *Phytophthora* sp. Meskipun metode

tersebut masih digunakan untuk konfirmasi keberadaan organisme hidup, efektivitasnya jauh lebih rendah dibandingkan dengan *metabarcoding*. Isolasi tradisional bergantung pada kemampuan organisme untuk tumbuh dalam media kultur yang secara inheren bias terhadap spesies yang mudah tumbuh dan mendominasi sehingga spesies yang bersifat lambat tumbuh, dorman, atau berada dalam jumlah kecil sering kali tidak terdeteksi. Ketidakmampuan metode ini untuk mengungkapkan gambaran menyeluruh tentang keberadaan dan keragaman spesies di lingkungan menjadikannya kurang unggul terutama ketika dibandingkan dengan kemampuan *metabarcoding* dalam mendeteksi DNA lingkungan dari berbagai spesies secara simultan (Spada *et al.*, 2022).

Penerapan teknik *metabarcoding* dapat diterapkan dalam proses deteksi jamur pada tanaman kentang di Indonesia. Indonesia merupakan negara agraris yang memiliki keragaman komoditas hortikultura. Salah satu komoditasnya adalah kentang (*Solanum tuberosum*) yang berperan penting dalam mendukung ketahanan pangan dan ekonomi masyarakat (Saptana *et al.*, 2022). Di Jawa Tengah, khususnya Kabupaten Wonosobo, produksi kentang termasuk salah satu yang tinggi dan menjadi sumber mata pencaharian penting bagi petani lokal. Produksi kentang di Jawa Tengah pada tahun 2021-2023 menurun antara 277.725 menjadi 248.700 ton (BPS, 2024). Produktivitas kentang berisiko mengalami penurunan akibat serangan patogen tanaman, termasuk jamur patogen yang menyebabkan penyakit busuk umbi, hawar daun, layu dan bercak coklat yang sering ditemukan pada lapangan maupun pascapanen (Ashari *et al.*, 2024). Deteksi dini dan identifikasi patogen jamur menjadi sangat penting karena

patogen tersebut memiliki spesifisitas tinggi terhadap tanaman inang, sehingga infeksi yang tidak cepat diketahui dapat menyebabkan kerugian signifikan pada hasil produksi dan kualitas umbi.

Pemilihan jamur sebagai fokus penelitian didasari fakta bahwa jamur merupakan salah satu golongan yang berpotensi sebagai patogen yang sering menyerang tanaman kentang. Jamur mampu bertahan lama di tanah maupun benih dan menghasilkan metabolit atau toksin yang merusak jaringan tanaman serta menurunkan hasil produksi dan mutu umbi (Steglińska *et al.*, 2023). Komunitas jamur dalam tanah (rhizosfer) dan jaringan tanaman sangat beragam dan seringkali tidak terdeteksi melalui metode tradisional karena sebagian besar spesies tidak bisa dikultur di laboratorium, sehingga pendekatan molekuler seperti *metabarcoding* diperlukan untuk memperoleh gambaran lengkap keragaman spesies patogen yang ada (Nilsson *et al.*, 2019). Dalam mendeteksi patogen, jaringan batang dipilih karena banyak jamur patogen tanaman, termasuk patogen vaskular dan endofitik, berkolonisasi serta menyebar secara sistemik melalui jaringan pembuluh pada batang sebelum gejala visual muncul pada organ lain, sehingga batang berperan sebagai lokasi strategis untuk deteksi dini keberadaan patogen (Haque *et al.*, 2023). Selain itu, analisis DNA patogen dari jaringan batang memberikan sensitivitas deteksi yang lebih tinggi dibandingkan jaringan permukaan seperti daun, terutama pada fase awal infeksi, sehingga mendukung akurasi identifikasi patogen berbasis *metabarcoding* dalam studi penyakit tanaman (Sudelin *et al.*, 2022).

Dalam penelitian ini, marker ITS2 dipilih sebagai target *metabarcoding* karena memiliki tingkat variasi sekuens yang tinggi antar spesies jamur dan panjang fragmen yang sesuai untuk *next generation sequencing* (NGS) (Nilsson *et al.*, 2019). Dengan penggunaan marker ITS2 diharapkan memungkinkan identifikasi patogen kentang dengan resolusi spesies yang akurat dan efisien. Tanaman kentang rentan terhadap infeksi berbagai jenis jamur fitopatogen seperti genus *Fusarium*, *Alternaria*, dan *Rhizoctonia* yang dapat menyebabkan penurunan hasil panen secara signifikan (Ashari dkk., 2024). Penggunaan primer umum seperti ITS2 memungkinkan deteksi jamur-jamur yang diduga patogen sebagai analisis awal pengendalian patogen. Pengendalian patogen ini diharapkan dapat membantu angka panen dan produktivitas kentang menjadi lebih stabil dari tahun ke tahun.

Berdasarkan latar belakang yang telah dijelaskan, dilakukannya penelitian identifikasi komunitas jamur pada tanaman kentang di Jawa Tengah, khususnya pada bagian batang yang terserang penyakit. Penelitian ini diharapkan dapat memperkirakan jenis-jenis jamur yang menjangkit tanaman kentang pada dataran tinggi Jawa Tengah menggunakan metode *metabarcoding* dengan penanda ITS2. Selain itu, penelitian bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman jamur patogen sehingga dapat dijadikan sebagai metode terbaru yang dapat menjadi solusi permasalahan produktivitas tanaman kentang di sentra Jawa Tengah.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dari penelitian yang dilakukan yaitu:

- 1.2.1 Bagaimana komposisi dan struktur komunitas jamur pada batang tanaman kentang berdasarkan hasil analisis *metabarcoding* DNA menggunakan marker ITS2?
- 1.2.2 Bagaimana perbedaan keanekaragaman, dominansi, dan komposisi taksonomi jamur antara batang kentang simptomatik dan asimtomatik, serta genus jamur apa saja yang berpotensi berasosiasi dengan kondisi penyakit pada batang tanaman kentang?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini yaitu:

- 1.3.1 Menganalisis komunitas jamur pada batang tanaman kentang menggunakan pendekatan *metabarcoding* DNA berbasis marker ITS2.
- 1.3.2 Mengetahui perbedaan struktur komunitas jamur antara batang kentang simptomatik dan asimtomatik, meliputi keanekaragaman, dominansi, dan keberadaan genus jamur yang berpotensi berperan sebagai patogen tanaman kentang berdasarkan hasil *metabarcoding*.

1.4 Manfaat Penelitian

Adapun manfaat dari penelitian ini adalah menyediakan informasi mengenai jenis dan keragaman komunitas jamur pada batang tanaman kentang simptomatik dan asimtomatik di Kejajar, Kabupaten Wonosobo, Provinsi Jawa Tengah menggunakan metode *metabarcoding*. Informasi ini dapat digunakan oleh

petani, penyuluh pertanian, dan pengambil kebijakan untuk memahami risiko serangan penyakit secara lebih akurat dan melakukan deteksi dini patogen sebelum wabah meluas.