

I. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Tanaman terong (*Solanum melongena* L.) termasuk dalam Famili Solanaceae dan merupakan salah satu komoditas sayuran yang menempati posisi strategis sebagai hortikultura unggulan yang dibutuhkan dalam pemenuhan gizi harian masyarakat (Arsi *et al.*, 2021), serta menjadi sumber penghidupan ekonomi yang menjanjikan bagi para petani (Abdillah *et al.*, 2026). Produktivitas budidaya tanaman ini kerap dihadapkan pada ancaman kendala biotik yang serius berupa kerentanan terhadap serangan penyakit destruktif (Maulidia *et al.*, 2023), sehingga pengendalian patogen menjadi bagian penting dalam menjaga produksi. Tekanan penyakit pada budidaya terong turut memperburuk kesenjangan antara kebutuhan dan produksi terong secara nasional yang mencapai 792.125 ton per tahun sementara produksi hanya sebesar 691.738 ton (Pratama *et al.*, 2025).

Tanaman terong rentan terhadap delapan spesies *Pythium* yang diakui secara taksonomi, dengan *Pythium aphanidermatum* menjadi spesies yang teridentifikasi pada hampir separuh dari seluruh laporan pada komoditas ini karena menyebabkan busuk buah selain rebah semai pada fase pembibitan (Keinath, 2023). Secara umum pada tanaman Solanaceae, rebah semai akibat *Pythium* dilaporkan menyebabkan rata-rata kehilangan hasil 30–60% di pembibitan dan rumah kaca sayuran di seluruh dunia, bahkan dapat mencapai

50–90% pada kondisi infeksi berat, dengan insidensi yang dilaporkan berkisar 13–46% di Pakistan (Adhikari *et al.*, 2024). Pada terong, kombinasi patogen fungi dan oomycete tular tanah termasuk *Pythium*, *Phytophthora*, dan *Sclerotium*, dilaporkan dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga 50–90% di kawasan Asia apabila menyerang pada fase awal pertumbuhan (Kaniyassery *et al.*, 2023).

Strategi mitigasi untuk menekan laju kerusakan ini masih sangat bergantung pada aplikasi fungisida berbahan dasar kimia sintetis secara masif dan intensif (Gunawan *et al.*, 2022). Ketergantungan dalam jangka panjang yang berlebihan justru menyebabkan problematika baru yang kompleks. Mulai dari memicu resistensi galur patogen, akumulasi residu toksik yang membahayakan kesehatan petani dan konsumen, hingga merusak keseimbangan mikrobioma tanah serta ekosistem lingkungan pertanian. Efektivitas pengendalian kimiawi pun semakin menurun dari waktu ke waktu (Iqbal *et al.*, 2022). Oleh karena itu, perlu untuk segera beralih mengeksplorasi teknologi pengendalian hayati yang ekologis, spesifik, dan berorientasi pada keberlanjutan jangka panjang sebagai alternatif yang lebih aman serta ramah lingkungan (Dinata *et al.*, 2024).

Pemanfaatan fungi antagonis dari genus *Trichoderma* telah diakui secara global sebagai salah satu solusi agens biokontrol yang paling mumpuni dan menjanjikan untuk menjadi jawaban atas tantangan pertanian berkelanjutan tersebut. Reputasi cemerlang *Trichoderma* didasarkan pada

kemampuannya menekan populasi patogen tular tanah maupun udara melalui serangkaian mekanisme antagonis majemuk yang bekerja secara sinergis dan terpadu (Guzmán *et al.*, 2025). Mekanisme pertahanan ini mencakup proses antibiosis melalui sekresi senyawa beracun penghambat patogen (Muhibuddin *et al.*, 2021), mikoparasitisme aktif di mana hifa melilit dan menghancurkan inangnya (Pasalo *et al.*, 2022), kompetisi ruang dan nutrisi di daerah rizosfer, hingga produksi enzim lisis pendegradasi dinding sel seperti kitinase dan glukukanase (Ayuningtias *et al.*, 2025).

Pemanfaatan isolat indigenos yang diperoleh secara langsung dari lingkungan alaminya, seperti eksplorasi *Trichoderma* menunjukkan tingkat adaptasi ekologis dan potensi efikasi yang sangat tinggi (Adam *et al.*, 2023). Beberapa spesies unggul, utamanya *Trichoderma harzianum* (Muhibuddin *et al.*, 2021) beserta spesies lain seperti *T. virens* (Mahmud *et al.*, 2020) dan *T. asperellum* (Ayuningtias *et al.*, 2025), pada pengujian *in vitro* dan *in planta* mampu memberikan daya hambat yang impresif terhadap perkembangan patogen-patogen penyebab gagal panen. Pada *Ganoderma boninense*, daya hambat tiga isolat berada pada 72,2–92,5% dengan metode kultur ganda (Putra *et al.*, 2024). Pada *Fusarium oxysporum* penyebab layu cabai, persentase hambatan meningkat dari 25% pada hari pertama menjadi 70% pada hari ketujuh (Gigir *et al.*, 2025). Kemudian pada *Rigidoporus lignosus*, beberapa isolat bahkan mampu menghambat pertumbuhan patogen hingga 100% secara *in vitro* (Sirait & Pinem, 2022).

Pola serupa terlihat pada patogen lain, yang menegaskan bahwa kemampuan antagonis *Trichoderma* sangat bergantung pada isolat. Isolat dari tanah gambut dapat menekan *Aspergillus* sp. hingga 84,55% dan 83,71% (Aini & Martina, 2024). Isolat dari rhizosfer tanaman obat menunjukkan hambatan 63,33–67,03% terhadap *Macrophomina phaseolina*, 67,20–85,92% terhadap *Fusarium verticillioides*, 84,00–92,90% terhadap *Phaeocytostroma sacchari*, 62,03–79,07% terhadap *Sclerotium rolfsii*, dan 100% terhadap *Sclerotinia sclerotiorum* (Marques *et al.*, 2022). Pada tomat, *Trichoderma harzianum* juga dilaporkan menekan *F. oxysporum* dari berbagai organ dengan kisaran 50,2–100% (Ohorella *et al.*, 2022).

Potensi antagonisme *Trichoderma* bersifat isolat-spesifik, sehingga perlu didahului identifikasi spesies yang akurat dan terverifikasi. Identifikasi taksonomi isolat unggul tidak dapat mengandalkan pengamatan berbasis morfologi semata (morfologi koloni dan struktur mikroskopis), karena rentan bias dan mengingat besarnya jumlah spesies dalam genus ini serta tingginya kemiripan karakter morfologis antarspesies (*cryptic species*). Karakterisasi secara molekuler melalui teknik amplifikasi dan sekuensing pada daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari DNA ribosom, dapat menjadi standar untuk mengkonfirmasi keakuratan identitas spesies yang akan divalidasi potensinya (Harper *et al.*, 2019; Putri *et al.*, 2022; Elita *et al.*, 2022).

Marker ITS dipilih karena merupakan barcode standar DNA fungi dan lazim digunakan untuk amplifikasi fragmen 5.8S rRNA beserta daerah

internal transcribed spacer pada identifikasi *Trichoderma* (Mazrou *et al.*, 2020). ITS telah umum digunakan untuk identifikasi atau filogeni *Trichoderma*, baik sendiri maupun dikombinasikan dengan lokus lain. Hal ini didukung oleh studi yang berhasil mengidentifikasi isolat melalui sekuensing ITS dengan kemiripan tinggi, seperti >99% pada beberapa strain *T. asperellum* dan *T. harzianum* (Pradhan *et al.*, 2023). Identitas isolat menjadi valid dan dapat dipertanggungjawabkan secara ilmiah sebelum dikembangkan lebih lanjut, serta menjadi fondasi penting bagi standarisasi dan reproduktibilitas hasil pengendalian hayati di lapangan (Cai & Druzhinina, 2021).

Berdasarkan uraian tersebut, penelitian ini penting dilakukan karena menggabungkan dua kebutuhan utama, yaitu identifikasi molekuler berbasis ITS untuk memperjelas identitas isolat *Trichoderma* dan uji antagonisme *in vitro* untuk mengetahui seberapa kemampuannya dalam menghambat pertumbuhan *Pythium* sp. pada tanaman terong. Relevan karena literatur menunjukkan bahwa *Trichoderma* memiliki potensi biokontrol yang kuat, tetapi performanya berbeda antar isolat dan karena itu harus dikarakterisasi secara molekuler serta diuji langsung terhadap patogen sasaran (Marques *et al.*, 2022; Pradhan *et al.*, 2023). Penelitian ini menjadi langkah awal yang strategis dalam upaya pengembangan agens hayati lokal yang berbasis sumber daya indigenus, guna mendukung sistem pengendalian yang lebih berkelanjutan, berdaya saing, dan ramah lingkungan (Rawis *et al.*, 2024).

1.2. Rumusan Masalah

- 1.2.1. Bagaimana karakteristik secara makroskopis maupun mikroskopis dari *Trichoderma* sp. dan *Pythium* sp.?
- 1.2.2. Bagaimana hasil identifikasi molekuler dari *Trichoderma* sp. berdasarkan marka *Internal Transcribed Spacer* (ITS)?
- 1.2.3. Bagaimana kemampuan antagonisme *Trichoderma* sp. yang telah teridentifikasi tersebut dalam menghambat pertumbuhan *Pythium* sp. secara *in vitro*?

1.3. Tujuan Penelitian

- 1.3.1. Mengetahui karakteristik secara makroskopis maupun mikroskopis dari *Trichoderma* sp. dan *Pythium* sp.
- 1.3.2. Mengetahui identitas spesifik *Trichoderma* sp. dari hasil identifikasi secara molekuler berdasarkan marka *Internal Transcribed Spacer* (ITS).
- 1.3.3. Mengetahui kemampuan antagonisme *Trichoderma* sp. yang telah teridentifikasi tersebut dalam menghambat pertumbuhan *Pythium* sp. secara *in vitro*.

1.4. Manfaat Penelitian

Penelitian diharapkan dapat memberikan informasi mengenai identitas *Trichoderma* sp. secara molekuler dan patogen *Pythium* sp. Pengujian akan membuktikan sifat antagonistik *Trichoderma* dalam menginhibisi pertumbuhan patogen. Hasil yang diperoleh dapat menjadi landasan awal untuk pengujian lanjutan dalam pengembangan biofungisida ramah lingkungan untuk menekan penyakit pada sistem budidaya terong.