

**ANALISIS METAGENOMIK BAKTERI RHIZOSFER  
TUMBUHAN BENGKAL (*Nauclea orientalis* L.)**

**SKRIPSI**

**Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains di  
Jurusan Biologi pada Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Sriwijaya**

**Oleh:**

**SHINTYA ANGGRAYNI CANDRADEWI**

**08041181722046**



**JURUSAN BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS SRIWIJAYA  
2021**

## HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI

Judul Skripsi : Analisis Metagenomik Bakteri Rhizosfer Tumbuhan  
Bengkal (*Nauclea orientalis* L.)

Nama Mahasiswa : Shintya Anggrayni Candradewi

NIM : 08041181722046

Jurusan : Biologi

Telah disetujui untuk disidangkan pada tanggal 30 Juli 2021

Indralaya, Juli 2021

Pembimbing:

1. Dr. Elisa Nurnawati, M. Si  
NIP. 197504272000122001

2. Dra. Muharni, M. Si  
NIP. 196306031992032001



## HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI

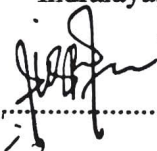
Judul Skripsi : Analisis Metagenomik Bakteri Rhizosfer Tumbuhan  
Bengkal (*Nauclea orientalis* L.)  
Nama Mahasiswa : Shintya Anggrayni Candradewi  
NIM : 08041181722046  
Jurusan : Biologi

Telah dipertahankan dihadapan Panitia Sidang Ujian Skripsi Jurusan Biologi  
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya pada  
tanggal 30 Juli 2021 dan telah diperbaiki, diperiksa, serta disetujui sesuai dengan  
masukkan Panitia Sidang Ujian Skripsi.

Indralaya, Juli 2021

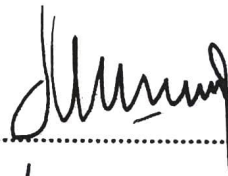
Ketua:

1. Dr. Elisa Nurnawati, M. Si  
NIP. 197504272000122001

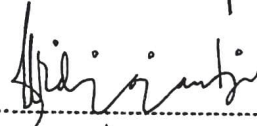
()

Anggota:

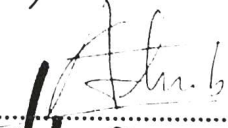
1. Dra. Muharni, M. Si  
NIP. 196306031992032001

()

2. Dr. Hary Widjajanti, M. Si  
NIP. 196112121987102001

()

3. Dr. Salni, M. Si  
NIP. 196608231993031002

()

4. Drs. Hanifa Marisa, M. S.  
NIP. 196405291991021001

()

Indralaya, Juli 2021  
Ketua Jurusan Biologi  
  
Dr. Arum Setiawan, M.Si.  
NIP. 197211221998031001

## PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama Mahasiswa : Shintya Anggrayni Candradewi

NIM : 08041181722046

Fakultas/Jurusan : MIPA/Biologi

Menyatakan bahwa skripsi ini adalah hasil karya saya sendiri dan karya ilmiah ini belum pernah diajukan sebagai pemenuhan persyaratan untuk memperoleh gelar kesarjanaan strata satu (S1) dari Universitas Sriwijaya maupun perguruan tinggi lain.

Semua informasi yang dimuat dalam skripsi ini yang berasal dari penulis lain baik yang dipublikasikan atau tidak telah diberikan penghargaan dengan mengutip nama sumber penulis secara benar. Semua isi dari skripsi ini sepenuhnya menjadi tanggung jawab saya sebagai penulis.

Demikianlah surat pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.



Indralaya, Juli 2021

Penulis,



Shintya Anggrayni Candradewi  
NIM. 08041181722046

## HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS

Sebagai sivitas akademik Universitas Sriwijaya, yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama : Shintya Anggrayni Candradewi  
NIM : 08041181722046  
Fakultas/Jurusan : MIPA/Biologi  
Jenis Karya : Skripsi

Demi pengembangan ilmu pengetahuan, saya menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Sriwijaya “hak bebas royalti non-eksklusif (*non-exclusively royalty-free right*) atas karya ilmiah saya yang berjudul:

“Analisis Metagenomik Bakteri Rhizosfer Tumbuhan Bengkal (*Nauclea orientalis* L.)”

Beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). dengan hak bebas royalti non-eksklusif ini Universitas Sriwijaya berhak menyimpan, mengalih media/mengformatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat dan mempublikasi tugas akhir atau skripsi saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik hak cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sesungguhnya.

Indralaya, Juli 2021

Penulis,



Shintya Anggrayni Candradewi  
NIM. 08041181722046

## HALAMAN PERSEMBAHAN

**Skripsi ini saya persembahkan untuk:**

**Self-Reward Diri Saya Sendiri**

**Keluarga Besar Saya**

**Almamater Saya**

### - QUOTES -

Tidak ada yang sempurna dipercobaan pertama

*(There was nothing perfect on the first try)*

- Shintya Anggrayni Candradewi

*You're gonna try. You will fail, you're gonna try. You're gonna fail until success. It's life, no one can do things perfectly. If someone is doing perfectly, they're probably made mistakes before. You'll scare and it's okay, you're scared because you care about it. But, if you really want those things, mistakes can't stop you.*

- Turkey, January 2021

*You can go through the challenges you're facing. From birth, you learn as simple as standing up. Then learn to walk. Start one step and fall. One step that eventually turned into thousands of steps that are now no longer thought of how. Maybe you'll fall again, but you have a desire to solve the problem you're having and that's enough to be an excuse for you not to give up.*

- Netherlands, January 2021

## KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadirat Allah SWT yang telah memberikan rahmat serta karunia-Nya kepada penulis sehingga penulisan Skripsi yang berjudul “Analisis Metagenomik Bakteri Rhizosfer Tumbuhan Bengkal (*Nauclea orientalis* L.)” ini dapat terselesaikan dengan baik. Penulisan Skripsi ini bertujuan untuk memenuhi salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains pada Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.

Terima kasih kepada Ibu Dr. Elisa Nurnawati, M. Si. dan Ibu Dra. Muharni, M. Si. selaku dosen pembimbing yang telah memberikan bimbingan, arahan, saran, waktu, pendapat, dan dukungan moril maupun materil dengan penuh kesabaran selama penulis menyelesaikan penulisan Skripsi. Penulis juga ingin mengucapkan terimakasih kepada.

1. Hermansyah, S. Si., M.Sc., Ph. D. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.
2. Dr. Arum Setiawan, M. Si. selaku Ketua Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.
3. Dr. Sarno, M.Si., selaku Sekretaris Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya.
4. Drs. Endri Junaidi, M. Si. selaku Pembimbing Akademik yang telah memberikan bimbingan dan arahan selama perkuliahan.
5. Dr. Hary Widjajanti, M. Si. dan Dr. Salni, M. Si. selaku dosen pembahas yang telah memberikan bimbingan, koreksi, dan saran dalam penyelesaian Skripsi ini.
6. Seluruh dosen dan staff karyawan Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sriwijaya
7. Kak Agus Wahyudi, S. Si. selaku analis Laboratorium Genetika dan Bioteknologi dan Ibu Rosmania, S. T., selaku analis Laboratorium Mikrobiologi yang telah membantu dalam pengerjaan penelitian dari awal hingga akhir.

8. *Partner in crime*, rekan Biologi 2017, dan teman sejawat lainnya yang telah memberikan semangat dan dukungan selama perkuliahan dan penelitian.
9. Seluruh pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu yang telah membantu penulis dalam menyelesaikan skripsi ini.
10. *Last but not least*, Anggra Scandr yang telah memberikan kepercayaan, menyediakan pundak, memberikan rangkulan, menyempatkan waktu serta kesediaan diri dalam membantu pengerjaan skripsi.

Semoga Allah SWT senantiasa melimpahkan karunia-Nya dan membalas segala amal budi serta kebaikan pihak-pihak yang telah membantu penulis dalam penyusunan Skripsi ini dan semoga dapat memberikan manfaat bagi berbagai pihak.

Indralaya, Juli 2021

Penulis



**METAGENOMIC ANALYSIS OF RHIZOSPHERIC BACTERIA**  
**BENGKAL PLANT (*Nauclea orientalis* L.)**

**Shintya Anggrayni Candradewi**  
**08041181722046**

**RESUME**

Bengkal plants can live in wetland ecosystems and have the ability in the phytoremediation process. Plants have an association with the diversity of microorganisms in the rhizosphere. Approximately 99% of all microorganisms in the environment can not be cultured so in analyzing the diversity of bacterial communities that can not be cultured conducted metagenomic analysis using the gene 16S rRNA. Metagenomic analysis is conducted using the latest linking technology, namely Next Generation Sequencing (NGS) which provides information that is considered effective and efficient such as finding annotations (naming), genome mapping, and further sequencing analysis. The rhizosphere region has different types of bacteria with largely unknown functional potential. Limited information about plant rhizosphere microbes that exist today, so conducted research on rhizosphere microbes to study the interaction between plants and soil microbes, understand various plant-related processes. This study aims to find out the genus of bacteria found in rhizospheres of bengkal plants based on the sequencing profile of the 16S rRNA gene.

This research was conducted in January to July 2021 at the Laboratory of Genetics and Biotechnology Department of Biology Faculty of Mathematics and Natural Sciences Sriwijaya University. The stages of research conducted are soil sampling, genome DNA extraction, DNA quantity measurement, DNA extraction electrophoresis, gene 16S rRNA amplification, and high throughput sequencing data analysis.

The conclusion of this study is a genus in rhizosphere bacteria bengkal plant (*Nauclea orientalis* L.) with gene sequence profile 16S rRNA identified as many as 15 genera with 14 genera including *Achromobacter*, *Escherichia-Shigella*, *Enterobacter*, *Brevibacillus*, *Paenibacillus*, *Bacillus*, *Aneurinibacillus*, *Lysinibacillus*, *Clostridium*, *Acidothermus*, *Candidatus\_Jorgensebacteria*, *Candidatus\_Solibacter*, *Ochrobactrum*, 1 genus of the order Saccharimonadales, and 1 genus are not classified.

Keywords: Bacteria, Bengkulu, Metagenomic Analysis, Rhizosphere, Next Generation Sequencing.

# ANALISIS METAGENOMIK BAKTERI RHIZOSFER TUMBUHAN BENGKAL (*Nauclea orientalis* L.)

Shintya Anggrayni Candradewi  
08041181722046

## RINGKASAN

Tumbuhan bengkal dapat hidup pada ekosistem lahan basah dan memiliki kemampuan dalam proses fitoremediasi. Tumbuhan memiliki asosiasi dengan keragaman mikroorganisme di bagian rhizosfer. Kurang lebih 99% dari semua mikroorganisme di lingkungan tidak dapat dikultur sehingga dalam menganalisis keragaman komunitas bakteri yang tidak dapat dikultur dilakukan analisis metagenomik menggunakan gen 16S rRNA. Analisis metagenomik dilakukan dengan menggunakan teknologi peruntukan terkini yakni *Next Generation Sequencing* (NGS) yang memberikan informasi yang dinilai efektif dan efisien seperti mencari anotasi (penamaan), pemetaan genom, dan analisis sekuen lanjut. Daerah rhizosfer mempunyai berbagai jenis bakteri dengan potensi fungsional yang sebagian besar tidak diketahui. Keterbatasan informasi mengenai mikroba rhizosfer tumbuhan yang ada saat ini, sehingga dilakukan penelitian mengenai mikroba rhizosfer untuk mempelajari interaksi antara tumbuhan dan mikroba tanah, memahami berbagai proses terkait tumbuhan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui genus bakteri yang terdapat pada rhizosfer tumbuhan bengkal berdasarkan profil sekuen gen 16S rRNA.

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Januari sampai Juli 2021 bertempat di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sriwijaya. Tahapan penelitian yang dilakukan yakni pengambilan sampel tanah, ekstraksi DNA genom, pengukuran kuantitas DNA, elektroforesis hasil ekstraksi DNA, amplifikasi gen 16S rRNA, dan analisis data *high throughput sequencing*.

Kesimpulan dari penelitian ini adalah genus pada bakteri rhizosfer tumbuhan bengkal (*Nauclea orientalis* L.) dengan profil sekuens gen 16S rRNA teridentifikasi sebanyak 15 genus dengan 14 genus diantaranya *Achromobacter*, *Escherichia-Shigella*, *Enterobacter*, *Brevibacillus*, *Paenibacillus*, *Bacillus*, *Aneurinibacillus*, *Lysinibacillus*, *Clostridium*, *Acidothermus*, *Candidatus\_Jorgensebacteria*, *Candidatus\_Solibacter*, *Ochrobactrum*, 1 genus dari ordo Saccharimonadales, dan 1 genus tidak terklasifikasikan.

Kata Kunci: Bakteri, Bengkal, Analisis Metagenomik, Rhizosfer, *Next Generation Sequencing*.

## DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL .....	i
HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI.....	ii
HALAMAN PENGESAHAN SKRIPSI.....	iii
PERNYATAAN KEASLIAN KARYA ILMIAH .....	iv
HALAMAN PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS .....	v
HALAMAN PERSEMBAHAN .....	vi
KATA PENGANTAR .....	vii
RESUME.....	ix
RINGKASAN.....	x
DAFTAR ISI .....	xi
DAFTAR TABEL .....	xiii
DAFTAR GAMBAR .....	xiv
DAFTAR LAMPIRAN.....	xv
BAB I LATAR BELAKANG .....	1
1.1. Latar Belakang.....	1
1.2. Rumusan Masalah.....	3
1.3. Tujuan Penelitian .....	4
1.4. Manfaat Penelitian .....	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA .....	5
2.1. Tumbuhan Bengkal ( <i>Nauclea orientalis</i> L.).....	5
2.1.1. Morfologi dan Klasifikasi Tumbuhan Bengkal ( <i>Nauclea orientalis</i> L.).....	5
2.2. Tanah.....	7
2.2.1. Rhizosfer.....	8
2.3. Analisis Komunitas Bakteri.....	9
2.3.1. Metagenomik .....	10
2.4. <i>Next Generation Sequencing</i> (NGS).....	12
BAB III METODE PENELITIAN .....	14
3.1. Waktu dan Tempat .....	14

3.2. Alat dan Bahan.....	14
3.3. Cara Kerja.....	15
3.3.1. Pengambilan Sampel .....	15
3.3.2. Ekstraksi DNA Genom.....	15
3.3.3. Pengukuran Kuantitatif DNA .....	16
3.3.4. Elektroforesis Hasil Ekstraksi DNA .....	17
3.3.5. Amplifikasi Gen 16S rRNA.....	17
3.3.6. Analisis Data <i>High Throughput Sequencing</i> .....	18
3.3.7. Penyajian Data .....	18
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN .....	19
4.1. Ekstraksi DNA Bakteri Rhizosfer .....	19
4.2. Hasil Amplifikasi DNA dengan Menggunakan Gen 16S rRNA.....	23
4.3. Kelimpahan Relatif Bakteri pada Beberapa Tingkatan.....	24
4.4. Diversitas Bakteri.....	32
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN.....	35
5.1. Kesimpulan.....	35
5.2. Saran.....	35
DAFTAR PUSTAKA .....	36
LAMPIRAN .....	43
DAFTAR RIWAYAT HIDUP .....	44

## DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 4.1. Pengukuran kuantitatif DNA hasil ekstraksi dari beberapa metode ekstraksi.....	20
Tabel 4.2. Diversitas bakteri rhizosfer berdasarkan beberapa jenis indeks diversitas .....	32

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 2.1. Morfologi tumbuhan bengkal .....	6
Gambar 4.1. Elektroforegram hasil ekstraksi DNA.....	20
Gambar 4.2. Elektroforegram hasil PCR .....	23
Gambar 4.3. Bagan batang kelimpahan bakteri pada tingkat filum .....	25
Gambar 4.4. Bagan batang kelimpahan bakteri pada tingkat kelas .....	26
Gambar 4.5. Bagan batang kelimpahan bakteri pada tingkat ordo.....	27
Gambar 4.6. Bagan batang kelimpahan bakteri pada tingkat famili.....	28
Gambar 4.7. Bagan batang kelimpahan bakteri pada tingkat genus.....	30

## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1. Pengukuran Faktor Fisik dan Kimia Tanah.....	43
Lampiran 2. Komposisi Buffer TBE 1x.....	43

# BAB I

## PENDAHULUAN

### 1.1. Latar Belakang

Rubiaceae merupakan famili tumbuhan berbunga terbesar kelima menurut jumlah marga. *Nauclea orientalis* merupakan contoh spesies dengan buah yang dapat dimakan yang termasuk dalam Rubiaceae (Lim, 2013). Tumbuhan bengkal atau yang dikenal gempol dapat hidup pada lahan basah dan memiliki kemampuan dalam fitoremediasi lahan basah terdegradasi dan unsur Fe, Mn, Cu, Zn, dan Hg (Putri *et al.*, 2016; Tuheteru *et al.*, 2017). Fitoremediasi oleh bengkal dilakukan dengan cara mengakumulasi logam berat yang tergenang melalui proses rhizofiltrasi dan simbiosis dengan jamur mikoriza arbuskular sebagai fitostabilisasi (Putri *et al.*, 2019).

Tumbuhan memiliki asosiasi dengan keragaman mikroorganisme, yang berkembang di bagian bawah tanah pada rhizosfer dan bagian atas pada filosfer (Knief, 2014). Komunitas mikroba yang berasosiasi dengan daerah rhizosfer dapat membantu dalam memperbaiki nitrogen lingkungan dan produksi substansi pemacu pertumbuhan tumbuhan (PGPR). Bakteri rhizosfer juga memiliki kemampuan untuk meningkatkan toleransi kekeringan serta dapat membantu melepaskan stress tumbuhan (Kohler *et al.*, 2008; Yang *et al.*, 2009). Komunitas mikroba pada rhizosfer dapat dipilih berdasarkan gen-gen fungsional yang terkait dengan metabolisme nitrogen, besi, fosfor dan potassium (Kothari dan Singh, 2016). Beberapa contoh bakteri yang mendiami daerah rhizosfer berasal dari genera



*Bacillus*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Acinetobacter*, *Bukholderia*, *Arthrobacter*, dan *Paenibacillus* (Yang *et al.*, 2017).

Kurang lebih 99% dari semua mikroorganisme yang ada di lingkungan tidak dapat dikultur dalam kondisi laboratorium, beberapa mikroorganisme tumbuh sangat lambat sehingga butuh waktu berbulan-bulan atau bahkan bertahun-tahun (Vollmers *et al.*, 2017). Keterbatasan pengkulturan mikroba juga dapat dipengaruhi oleh ketergantungan dengan organisme lain di alam (Barone *et al.*, 2014). Hal yang dilakukan dalam membantu menganalisis keragaman komunitas bakteri yang tidak dapat dikultur yakni melalui analisis metagenomik. Metagenomik didefinisikan sebagai analisis genetik langsung dari genom yang terkandung di dalam sebuah sampel lingkungan (Thomas *et al.*, 2012).

Prinsip analisis metagenomik dilakukan berdasarkan analisis DNA yang diambil secara langsung dari suatu komunitas dalam ekosistem kecil yang kemudian dianalisis dan diidentifikasi menggunakan gen penanda filogenetik seperti gen 16S rRNA. Penggunaan gen ini bertujuan untuk mengetahui jumlah dari mikroba secara global (Nuro, 2017). Sebagian besar isolat klinis bakteri dengan fragmen pendek, yaitu 500 bp dibagian awal gen 16S rRNA dinilai sudah cukup informatif dalam hal identifikasi (Rinanda, 2011).

Analisis metagenomik dilakukan dengan menggunakan teknologi peruntan terkini yakni *Next Generation Sequencing* (NGS) yang berbasis informatika sehingga dapat memberikan informasi yang dinilai efektif dan efisien seperti mencari anotasi (penamaan), pemetaan genom, dan analisis sekuen lanjut seperti identifikasi gen homologi serta interaksi antar gen terkait (Purwoko *et al.*, 2018).

NGS merupakan metode sekuensing yang menghasilkan data sekuen yang lebih besar dalam waktu relatif singkat sehingga teknologi ini dikenal dengan *high throughput sequencing platforms* (Tasma, 2015).

Daerah rhizosfer mempunyai berbagai jenis bakteri dengan potensi fungsional yang sebagian besar tidak diketahui. Penelitian sebelumnya menggunakan *high throughput sequencing* dilakukan untuk mempelajari karakteristik fungsional pada komunitas mikroba daerah rhizosfer tumbuhan *blueberry* liar memberikan hasil bahwa beberapa taksa memiliki peran penting bagi kesuburan tanah (Yurgel *et al.* 2019). Mikroba daerah rhizosfer dapat mempengaruhi akar tumbuhan melalui interaksi biologis, fisik, dan kimiawi. Keterbatasan informasi mengenai mikroba rhizosfer tumbuhan yang ada saat ini, sehingga dilakukan penelitian mengenai mikroba rhizosfer untuk mempelajari interaksi antara tumbuhan dan mikroba tanah, memahami berbagai proses terkait tumbuhan (Kumar *et al.*, 2018), serta untuk mengeksplorasi keanekaragaman mikroba dari tanah tersebut.

## **1.2. Rumusan Masalah**

*Nauclea orientalis* L. memiliki potensi dalam membantu fitoremediasi lahan tercemar. Hal ini dapat didukung oleh adanya asosiasi komunitas bakteri pada daerah rhizosfer, sehingga perlu dilakukan analisis metagenomik bakteri rhizosfer yang dapat memberikan informasi mengenai keragaman genus bakteri yang mendiami daerah rhizosfer tumbuhan bengkal berdasarkan profil sekuen gen 16S rRNA.

### **1.3. Tujuan Penelitian**

Berdasarkan rumusan masalah diatas, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui genus bakteri yang terdapat pada rhizosfer tumbuhan bengkal yang berhasil teridentifikasi berdasarkan profil sekuen gen 16S rRNA.

### **1.4. Manfaat Penelitian**

Penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat untuk mengetahui keragaman bakteri yang berada pada daerah rhizosfer tumbuhan bengkal. Data-data yang diperoleh dapat menjadi data untuk pengembangan penelitian berbasis *next generation sequencing*. Penelitian ini juga dapat digunakan sebagai bahan pengetahuan, referensi serta kepustakaan tentang analisis metagenomik bakteri pada rhizosfer tumbuhan.

## DAFTAR PUSTAKA

- Aguirre-von-wobeser, E., Rocha-estrada, J., Shapiro, L. R., dan De la Torre, M. 2018. Enrichment of Verrucomicrobia, Actinobacteria and Burkholderiales drives selection of bacterial community from soil by maize roots in a traditional milpa agroecosystem. *PLoS ONE*. 13(12): 1–18.
- Aisiah, S. 2012. Potensi Tumbuhan Bangkal (*Nauclea orientalis*) untuk Pengendalian Bakteri Aeromonas Hydrophila. *Fish Scientiae*. 2(4): 166–177.
- Barone, R., De Santi, C., Esposito, F. P., Tedesco, P., Galati, F., Visone, M., Di Scala, A., dan De Pascale, D. 2014. Marine Metagenomics, A Valuable Tool for Enzymes and Bioactive Compounds Discovery. *Frontiers in Marine Science*. 1: 1–6.
- Behrendt, L., Larkum, A. W. D., Trampe, E., Norman, A., Sørensen, S. J., dan Kuhl, M. 2012. Microbial Diversity of Biofilm Communities in Microniches Associated with The Didemnid Ascidian *Lissoclinum patella*. *The ISME Journal*. 6: 1222–1237.
- Bernadip, B. R., Hadiwiyono, dan Sudadi. 2014. Keanekaragaman Jamur dan Bakteri Rizosfer Bawang Merah Terhadap Patogen Moler. *Sains Tanah-Jurnal Ilmu Tanah Dan Agroklimatologi*. 11(1): 52–60.
- Cernava, T., Erlacher, A., Soh, J., Sensen, C. W., Grube, M., dan Berg, G. 2019. Enterobacteriaceae dominate the core microbiome and contribute to the resistome of arugula (*Eruca sativa* Mill.). *Microbiome*. 7(13): 1–12.
- Choi, J. dan Prk, S. P. 2020. Comparative Analyses of the V4 and V9 of 18S rDNA for The Extant Eukaryotic Community Using The Illumina Platform. *Scientific Reports*. 10: 1-11.
- Cheng, F., Hou, L., Woeste, K., Shang, Z., Peng, X., Zhao, P., dan Zhang, S. 2016. Soil Pretreatment and Fast Cell Lysis For Direct Polymerase Chain Reaction From Forest Soils For Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism Analysis of Fungal Communities. *Brazilian Journal of Microbiology*. 47(4): 817–827.
- Curl, E. A. dan Trulove B. 1985. *The Rhizosphere*. Berlin: Springer. i-x+290 hlm.
- Danish, S., Zafar-ul-Hye, M., Fahad, S., Saud, S., Brtnicky, M., Hammerschmidt, T., dan Datta, R. 2020. Drought Stress Alleviation by ACC Deaminase Producing *Achromobacter xylosoxidans* and *Enterobacter cloacae*, with and without Timber Waste Biochar in Maize. *Sustainability*. 12:1-17.
- Degelmann, D. M., Kolb, S., Dumont, M., Murrel, J.C., dan Drake, H. L. 2009. Enterobacteriaceae Facilitate The Anaerobic Degradation of Glucose by A Forest Soil. *FEMS Microbiol Ecol*. 68: 312-319.
- Dong, D., Yan, A., Liu, H., Zhang, X., dan Xu, Y. 2006. Removal of Humic

- Substances From Soil DNA Using Aluminium Sulfate. *Journal of Microbiological Methods*. 66: 217–222.
- Effendi, Y., Aini, N., Pambudi, A., dan Sasaerila, H. Y. 2019. Metagenomics Analysis of Soil Microbial Communities in Plant Agroforestry System Rubber Tree (*Hevea brasiliensis*)-Ganyong (*Canna* sp.). *Southeast Asia Plant Protection Conference*. 468: 1–8.
- Ekawati, Mansur, I., dan Panca, D. 2016. Pemanfaatan Kompos dan Mikoriza Arbuskula pada Longkida (*Nauclea orientalis*) di Tanah Pasca Tambang Nikel PT. Antam Pomalaa. *Jurnal Silvikultur Tropika*. 7(1): 1–7.
- Forbes, J. D., Knox, N. C., Peterson, C. L., dan Reimer, A. R. 2018. Highlighting Clinical Metagenomics for Enhanced Diagnostic Decision-making: A Step Towards Wider Implementation. *Computational and Structural Biotechnology Journal*. 16: 108–120.
- Furtado, B. U., Golebiewski, M., Monika, S., Hulisz, P., dan Hrynkiewicz, K. 2019. Bacterial and Fungal Endophytic Microbiomes of *Salicornia europaea*. *Applied and Environmental Microbiology*. 85(13): 1-18.
- GBIF Backbone Taxonomy. 2019. *Nauclea orientalis* (L.) L. in GBIF Secretariat. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei> diakses via <https://www.gbif.org/species/5339133> pada tanggal 25 September 2020.
- Guo, Y., Fujimura, R., Sato, Y., Suda, W., Kim, S. W., Oshima, K., Hattori, M., Kamijo, T., Narisawa, K., dan Ohta, H. 2014. Characterization of early microbial communities on volcanic deposits along a vegetation gradient on the Island of Miyake, Japan. *Microbes and Environments*. 29(1): 38–49.
- Habibi, M. 2016. Identifikasi Biodeteriogen Sebagai Langkah Awal Konservasi Benda Cagar Budaya. *Jurnal Konservasi Cagar Budaya*. 10(2): 23–30.
- Harahap, S. A. 2017. Uji Kualitas dan Kuantitas DNA Beberapa Populasi Pohon Kapur Sumatera. *Journal of Animal Science and Agronomy Panca Budi*. 2(2): 1–6.
- Hughes, J. B., Hellmann, J. J., Ricketts, T. H., dan Bohannon, B. J. M. 2001. Minireview Counting the Uncountable: Statistical Approaches to Estimating Microbial Diversity. *Applied and Environmental Microbiology*. 67(10): 4399–4406.
- Ihsan, Y. N., Fellatami, K., Permana, R., Mulyani, Y., dan Pribadi, T. D. K. 2020. Analisis Bakteri Pereduksi Konsentrasi Logam Timbal Pb (CH<sub>3</sub>COO)<sub>2</sub> Menggunakan Gen 16S rRNA. *Jurnal Kelautan*. 13(2): 151–162.
- Iqbal, M., Buwono, I. D., dan Kurniawati, N. 2016. Analisis Perbandingan Metode Isolasi DNA untuk Deteksi *White Spot Syndrome Virus* (WSSV) PADA Udang Vaname (*Litopenaeus vannamei*). *Jurnal Perikanan Kelautan*. 7(1): 54–65.

- Kanjanasuntree, R., Cha, C. J., Cho, J. C., Im, W. T., Kim, M. K., Jeon, C. O., Joh, K., Kim, S. B., Seong, C. N., Yi, H., Lee, S. D., Bae, J. W., dan Kim, W. 2019. A Report on 53 Unrecorded Bacteria Species in Korea in The Class Gammaproteobacteria. *Journal of Species Research*. 8(4): 319-336.
- Khan, A. L., Asaf, S., Abed, R. M. M., Chai, Y. N., dan Al-harrasi, A. 2020. Rhizosphere Microbiome of Arid Land Medicinal Plants and Extra Cellular Enzymes Contribute to Their Abundance. *Microorganism*. 8(213): 1–19.
- Khosravinia, H., Murthy, H. N. N., Parasad, D. T., dan Pirany, N. 2007. Optimizing Factors Influencing DNA Extraction From Fresh Whole Avian Blood. *African Journal of Biotechnology*. 6(4): 481–486.
- Knief, C. 2014. Analysis of Plant Microbe Interactions in The Era of Next Generation Sequencing Technologies. *Frontiers in Plant Science*. 5: 1–23.
- Kohler, J., Hernández, J. A., Caravaca, F., dan Roldán, A. 2008. Plant-Growth-Promoting Rhizobacteria and Arbuscular Mycorrhizal Fungi Modify Alleviation Biochemical Mechanisms in Water-Stressed Plants. *Functional Plant Biology*. 35(2): 141–151.
- Kothari, R., dan Singh, R. P. 2016. Application of Next Generation Sequencing Technologies in Revealing Plant-Microbe Interactions. *Journal of Next Generation Sequencing & Applications*. 3(1): 3–4.
- Kumar, V. dan Chandra, R. 2020. Metagenomic Analysis of Rhizospheric Bacterial Communities of *Saccharum arundinacearum* Growing on Organometallic Sludge of Sugarcane Molasses-Based Distillery. *3 Biotech*. 10(316):1-18.
- Kumar, V., AlMomin, S., Al-Aqeel, H., Al-Salameen, F., Nair, S., dan Shajan, A. 2018. Metagenomic Analysis of Rhizosphere Microflora of Oil-Contaminated Soil Planted with Barley and Alfalfa. *PLoS ONE*. 13(8): 1–16.
- Lathifah, A. N., Guo, Y., Sakagami, N., Suda, W., Higuchi, M., Nishizawa, T., Prijambada, I. D., dan Ohta, H. 2019. Comparative Characterization of Bacterial Communities in Moss-Covered and Unvegetated Volcanic Deposits of Mount Merapi, Indonesia. *Microbes and Environments*. 34(3): 268–277.
- Lim, T. K. 2013. *Edible Medicinal and Non-Medicinal Plants*. New York: Springer. i-xi+943 hlm.
- Llaca, L. X., Solis-Castro, R. L., Mialhe, E., dan García-Seminario, R. 2019. Metagenomic Analysis of the Bacterial and Fungal Community Associated to the Rhizosphere of *Tabebuia chrysantha* and *T. billbergii*. *Current Microbiology*. 76(9): 1073–1080.
- Mansur, I. 2015. *Bisnis & Budidaya 18 Kayu Komersial*. Jakarta: Penebar Swadaya. Iv+156 hlm.
- Mukhtar, S., Mirza, M. S., Awan, H. A., Maqbool, A., Mehnaz, S., dan Malik, K. A. 2016. Microbial Diversity and Metagenomic Analysis of The Rhizosphere

- of Para Grass (*Urochloa mutica*) Growing Under Saline Conditions. *Pak. J. Bot.*, 48(2), 779–791.
- Mukrin, Yusran, dan Toknok, B. 2019. Populasi Fungi Dan Bakteri Tanah Pada Lahan Agroforestri. *J. ForestSains*. 16(2): 77–84.
- Murtiyaningsih, H. 2017. Isolasi DNA Genom dan Identifikasi Kekerabatan Genetik nanas Menggunakan RAPD (*Random Amplified Polimorphic DNA*). *Agritop*. 15(1): 83-93.
- Mustafa, H., Rachmawati, I., dan Udin, Y. 2016. Pengukuran Konsentrasi dan Kemurnian DNA Genom Nyamuk *Anopheles barbirostris*. *Jurnal Vektor Penyakit*. 10(1): 7–10.
- Mustafa, I., Hadiatullah, dan Sustiyah. 2017. Removal of Humic Acid From Peat Soils By Using AlCl<sub>3</sub> Prior To DNA Extraction. *AIP Conference Proceedings*. 1844: 3–7.
- Nuro, F. 2017. Metagenom : Penelusuran Makhluk Tak Kasat Mata dalam Tanah. *BioTrends Majalah Populer Bioteknologi*. 8(2): 7–14.
- Parte, A.C., Sardà Carbasse, J., Meier-Kolthoff, J.P., Reimer, L.C. and Göker, M. (2020). List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70, 5607-5612; DOI: [10.1099/ijsem.0.004332](https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004332) diakses via <https://lpsn.dsmz.de/search?word=saccharimonadales> pada tanggal 02 Agustus 2021.
- Pascual, J., Blanco, S., García-lópez, M., García-salamanca, A., Bursakov, S. A., Genilloud, O., Bills, G. F., Ramos, J. L., dan Dillewijn, P. van. 2016. Assessing Bacterial Diversity in the Rhizosphere of *Thymus zygis* Growing in the Sierra Nevada National Park (Spain) through Culture-Dependent and Independent Approaches. *PLoS ONE*. 11(1): 1–19.
- Patantis, G., dan Fawzya, Y. N. 2009. Teknik Identifikasi Mikroorganisme Secara Molekuler. *Squalen Bulletin of Marine and Fisheries Postharvest and Biotechnology*. 4(2): 72.
- Pertiwi, D. N. P., Mahardika, I. G. n., dan Watiniasih, N. L. 2015. Optimasi DNA Amplifikasi Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) pada Ikan Karang Anggota Famili Pseudochromidae (DOTTYBACK) untuk Identifikasi Spesies Secara Molekular. *Jurnal Biologi*. 19(2): 1–5.
- Prakoso, S. P., Wirajana, I. N., dan Suarsa, I. W. 2017. Amplifikasi Fragmen Gen 18S rRNA pada DNA Metagenomik Madu dengan Teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*). *Indonesian Journal of Legal and Forensic Sciences (IJLFS)*. 7(3): 1.
- Praptiwi, N. L. P. M., Eka Suprihatin, I., dan Wirajana, I. 2014. Isolasi DNA Metagenomik dalam Rangka Studi Metanogenesis pada Tanah Sawah. *Jurnal*

*Kimia*. 8(1): 47–52.

- Purwoko, D., Cartealy, I. C., Tajuddin, T., Dinarti, D., dan Sudarsono, S. 2018. Analisis Bioinformatika Berbasis Web Pada Sekuen Genom Parsial Sagu (*Metroxylon sagu* Rottb.). *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia (JBBI)*. 5(1): 98.
- Putri, K. P., Yulianti, Y., dan Danu, D. 2016. Keragaman Pertumbuhan Bibit Gempol (*Nauclea orientalis* L.) dari Beberapa Pohon Induk. *Jurnal Hutan Tropis*. 4(1): 8.
- Putri, R. F., Istiyadji, M., dan Hayati, F. 2019. The Use of Bangkal Trees (*Nauclea* sp.) in The Perspective of Wetland Ethnics. *1st International Conference on Mathematics, Science, & Computer Education*. 5–11.
- Rinanda, T. 2011. Analisis Sekuensing 16S rRNA Di Bidang Mikrobiologi. *Jurnal Kedokteran Syiah Kuala*. 11(3): 172–177.
- Sambrook, J., dan Russel, D. W. 2001. *Molecular Cloning A Laboratory Manual* (Third). New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Saraswati, R., Husen, E., dan Simanungkalit, R. D. 2007. *Metode Analisis Biologi Tanah*. Bogor: Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Sumberdaya Lahan Pertanian. i-v+271 hlm.
- Schoch, C. L., Clufo, S., Domrachev, M., Hotton, C. L., Kannan, S., Khovanskaya, R., Leipe, D., Mcveigh, R., O'Neill, K., Robbertse, B., Sharma, S., Soussov, V., Sullivan, J. P., Sun, L., Turner, S., dan Karsch-Mizrachi, I. 2020. NCBI Taxonomy: A Comprehensive Update on Curation , Resources and Tools. Database (Oxford). Diakses via <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?mode=Info&id=332162&lvl=3&lin=f#note1> pada tanggal 02 Agustus 2021.
- \_\_\_\_\_. 2020. NCBI Taxonomy: A Comprehensive Update on Curation , Resources and Tools. Database (Oxford). Diakses via <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?mode=Info&id=2268185&lvl=3&lin=f&keep=1&srchmode=1&unlock> pada tanggal 02 Agustus 2021.
- Setiaputri, A. A., Barokah, G. R., Sahaba, M. A. B., Arbajayanti, R. D., Fabella N., Pertiwi, R. M., Nurilmala, M., Nugraha, R., dan Abdullah, A. 2020. Perbandingan Metode Isolasi DNA pada Produk Perikanan Segar dan Olahan. *JPHPI*. 23(3): 447-458.
- Singh, R. P., dan Kothari, R. 2017. *The Omics Era and Host Microbiomes: Understanding Host-Microbiome Interactions - An Omics Approach: Omics of Host-Microbiome Association*. Singapura: Springer. i-xvi+368 hlm.
- Soendjoto, M. A., dan Riefani, M. K. 2013. Bangkal (*Nauclea* sp.), A Wetland Plant, The Material for The Cool Face Powder. *Warta Konservasi Lahan*



*Basah*. 21: 13.

- Sutanto, R. 2005. *Dasar-Dasar Ilmu Tanah Konsep dan Kenyataan*. Yogyakarta: Kanisius. 208 Hlm
- Tasma, I. M. 2015. Pemanfaatan Teknologi Sekuensing Genom Untuk Mempercepat Program Pemuliaan Tanaman. *Jurnal Penelitian Dan Pengembangan Pertanian*. 34(4): 159.
- Thomas, T., Gilbert, J., dan Meyer, F. 2012. Metagenomics - A Guide From Sampling To Data Analysis. *Microbial Informatics and Experimentation*. 2(1): 3.
- Tseng, C. H., dan Tang, S. L. 2014. Marine Microbial Metagenomics: From Individual to The Environment. *International Journal of Molecular Sciences*. 15(5): 8878-8892.
- Tuheteru, F. D., Asrianti, A., Widiastuti, E., dan Rahmawati, N. 2017. Serapan Logam Berat oleh Fungi Mikoriza Arbuskula Lokal pada *Nauclea orientalis* L. dan Potensial untuk Fitoremediasi Tanah Serpentine. *Jurnal Ilmu Kehutanan*. 76–84.
- Ulfa, F., Ali, M. S., dan Abdullah. 2016. Dampak Pengalihn Lahan Mangrove Terhadap Keanekaragaman Benthos di Kecamatan Jaya Baru Kota Banda Aceh. *Prosiding seminar Nasional Biotik*. 57-63.
- Ullah, A., Akbar, A., Luo, Q., Khan, A. H., Manghwar, H., Shaban, M., dan Yang, X. 2019. Microbiome Diversity in Cotton Rhizosphere Under Normal and Drought Conditions. *Microbe Ecol*. 77: 429–439.
- Utomo, M. 2016. *Ilmu Tanah: Dasar-Dasar dan Pengelolaan*. Jakarta: Kencana. xxiv+434 hlm.
- Vollmers, J., Wiegand, S., dan Kaster, A. K. 2017. Comparing and Evaluating Metagenome Assembly Tools from A Microbiologist's Perspective - Not Only Size Matters. *PLoS ONE*. 12(1).
- Wan, N., Gu, J. D., dan Yan, Y. 2007. Degradation of *p*-Nitrophenol by *Achromobacter xylosoxidans* Ns Isolated from Wetland Sediment. *International Biodeterioration & Biodegradation*. 59: 90-96.
- Wedhastri, S., Fardhani, D. M., Kabirun, S., Widada, J., Widiyanto, D., Evizal, R., dan Prijambada, I. D. 2013. Legume Nodulating Bacterium, *Achromobacter xylosoxidans* Found in Tropical Shrub Agroecosystem, Sumatera, Indonesia. *Indonesian Journal of Biotechnology*. 18(2): 161–167.
- Weisburg, W. G., Barns, S. M., Pelletier, D. A., dan Lane, D. J. 1991. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *Journal of Bacteriology*. 173(2): 697–703.
- Widdig, M., Schleuss, P., Weig, A. R., Guhr, A., Biederman, L. A., Borer, E. T.,

- Crawley, M. J., Kirkman, K. P., Seabloom, E. W., Wragg, P. D., dan Spohn, M. 2019. Nitrogen and Phosphorus Additions Alter the Abundance of Phosphorus-Solubilizing Bacteria and Phosphatase Activity in Grassland Soils. *Front. Environ. Sci.* 7(185): 1–15.
- Xia, Q., Liu, X., Gao, Z., Wang, J., dan Yang, Z. 2020. Responses of Rhizosphere Soil Bacteria to 2-Year Tillage Rotation Treatments During Fallow Period in Semiarid Southeastern Loess Plateau. *PeerJ.* 8: 1-25.
- Yang, J., Kloepper, J. W., dan Ryu, C. M. 2009. Rhizosphere Bacteria Help Plants Tolerate Abiotic Stress. *Trends in Plant Science.* 458(7239): 702.
- Yang, Y., Wang, N., Guo, X., Zhang, Y., dan Ye, B. 2017. Comparative Analysis of Bacterial Community Structure in The Rhizosphere of Maize By Highthroughput Pyrosequencing. *PLoS ONE.* 12(5), 1–11.
- Yurgel, S. N., Nearing, J. T., Douglas, G. M., dan Langille, M. G. I. 2019. Metagenomic Functional Shifts to Plant Induced Environmental Changes. *Frontiers in Microbiology.* 10: 1–12.