

RINGKASAN

Tanaman padi (*Oryza sativa*) merupakan tanaman pokok utama dan umumnya ditanam pada lahan sawah. Daratan Indonesia dengan luas 188,2 juta ha, 13% diantaranya tergolong lahan potensial untuk tanaman pangan lahan kering, yang secara umum jenis tanahnya tergolong ultisol. Tanah ultisol merupakan tanah kering yang dicirikan dengan kandungan hara yang rendah. Aplikasi PGPR pada tanah jenis ini diduga dapat memperbaiki tingkat kesuburannya. Isolat bakteri KR-1 dan PA-11 yang didapat dari perakaran tanaman singkong di wilayah Banyumas diduga memiliki potensi sebagai PGPR, sehingga perlu dilakukan analisis guna mengetahui identitasnya serta kemungkinan manfaatnya dalam meningkatkan pertumbuhan pada tanaman padi gogo. Penelitian ini bertujuan untuk: 1) mengetahui karakteristik molekuler isolat KR-1 dan PA-11 berbasis sekuens 16S rRNA, 2) mengetahui hubungan kekerabatan isolat KR-1 dan PA-11 dengan bakteri lainnya yang telah didata di *GenBank*, 3) mengetahui kemampuan PGPR isolat KR-1 dan PA-11 sebagai penghasil hormon IAA, dan 4) menentukan isolat bakteri yang terbaik pengaruhnya terhadap pertumbuhan beberapa varietas padi gogo pada skala laboratorium.

Penelitian dilakukan dengan beberapa sub pengujian, yaitu karakterisasi molekuler berbasis sekuens 16S rRNA, uji PGPR penghasil IAA, dan *bioassay*. Sub pengujian karakterisasi molekuler dimulai dengan isolasi DNA bakteri, PCR, elektroforesis gel agarosa 1%, purifikasi DNA, dan sekuensing 16S rRNA. Oligonukleotida primer yang digunakan yaitu 27F, dan 1492R. Metode yang digunakan dalam sekuensing DNA adalah metode sanger. Kegiatan analisis bioinformatika menggunakan aplikasi MEGA X. Sub pengujian kemampuan bakteri menghasilkan hormon IAA dilakukan dengan menumbuhkan isolat bakteri pada media NB mengandung L-triptofan, kemudian reaksi perubahan warna diamati setelah ditambahkan pereaksi Salkowski. Sub pengujian *bioassay* dimulai dari perendaman benih varietas padi gogo dengan perlakuan isolat bakteri, dilanjutkan dengan penanaman selama 14 hari pada jar menggunakan media tanah ultisol steril.

Hasil analisis bioinformatika menunjukkan bahwa isolat KR-1 memiliki tingkat kemiripan 99,3% dengan *Bacillus wiedmannii*, sedangkan isolat PA-11 memiliki tingkat kemiripan 100% dengan *Bacillus cereus*. Berdasarkan pengujian kemampuan isolat bakteri penghasil IAA secara kualitatif, kedua isolat mampu menghasilkan hormon tumbuh IAA. Varietas Inpago Unsoed Parimas (V2), dan Varietas Inpago 8 (V3) memiliki pertumbuhan yang lebih baik daripada Varietas Inpago Unsoed 1 (V1). Hasil uji *bioassay* menunjukkan bahwa isolat konsorsium B3 (campuran isolat KR-1 dan PA-11) memberikan pengaruh lebih baik hanya terhadap panjang akar padi gogo yang diuji. Tidak ada interaksi nyata antara aplikasi isolat bakteri dan varietas padi gogo terhadap seluruh variabel pertumbuhan yang diamati.

SUMMARY

Rice (Oryza sativa) is one of the main staple crops in Indonesia. The plant is usually grown as lowland rice. Indonesia has a total lowland of 188.2 million hectares, and about 13% is the potential dry land for food crops, which soil type is mostly ultisol. This soil type is characterized by low nutrient content. The application of Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR) on ultisol soil is expected to increase its fertility. Bacterial isolates namely KR-1 and PA-11 are rhizobacteria found in cassava field in Banyumas area, which are expected as potential PGPR. Therefore, it is important to identify each of them and to find out the possibility of their functions in enhancing the growth of upland rice. The aims of this study were: 1) to determine molecular characteristics of KR-1 and PA-11 isolates based on 16S rRNA sequence, 2) to determine the genetic kinship of KR-1 and PA-11 isolates with the other bacteria that have been recorded in GenBank, 3) to determine PGPR ability of KR-1 and PA-11 isolates in producing IAA hormone, 4) to determine bacterial isolate with the best ability in enhancing the growth of several upland rice varieties in laboratory scale.

The research consisted of several sub-tests i.e. molecular characterization based on 16S rRNA sequence, IAA-producing PGPR test, and bioassay. Steps on molecular characterization consisted of bacterial DNA isolation, PCR, agarose gel electrophoresis, DNA purification, and 16S rRNA sequencing. Primary Oligonucleotides used were 27F and 1492R. The method used in DNA sequencing was Sanger method. Bioinformatics analysis was performed by using the application of MEGA X. Sub-testing on the ability of bacteria to produced IAA hormone was done by growing bacterial isolates on NB media containing L-tryptophan, then the color change reaction was observed after adding Salkowski reagent. Bioassay sub-testing was done by firstly soaking the seeds of upland rice varieties evaluated in each bacterial isolate according to the treatment, followed by planting them for 14 days in a jar using sterile ultisol soil as the growth media.

The results of bioinformatics analysis showed that KR-1 isolate revealed 99.3% similarity level with Bacillus wiedmannii, while PA-11 isolate exhibited 100% similarity level with Bacillus cereus. Both isolates were confirmed to produce IAA hormone. Inpago Unsoed Parimas (V2) and Inpago 8 (V3) Varieties showed better growth than Inpago Unsoed 1 (V1). It was found that the B3 consortium isolate (mixture of KR-1 and PA-11 isolates) gave a better effect only on root length of upland rice varieties evaluated. There was no significant interaction between the application of bacterial isolates and upland rice varieties on all growth parameters observed.