

Identifikasi Molekuler Isolat Bakteri Endofit dari Tanaman Porang (*Amorphophallus muelleri* Bl.) Sehat Berdasarkan Analisis Gen 16S rRNA

Rosalia Maryana^{1,2*}, Baskoro Sugeng Wibowo³, Suci Niscahya Bhakti¹, Ani Widarti¹, Sri Utami²

¹Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan, Karawang, Indonesia

²Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Terbuka, Tangerang Selatan, Indonesia

³Konsultan Horticulture Development in Dryland Area Project, Jakarta Selatan, Indonesia

*rosaliamaryana@gmail.com

Diterima: 8 Januari 2026 | Disetujui: 15 Juli 2026 | Diterbitkan: 5 Agustus 2026

ABSTRAK

Penyakit busuk umbi yang disebabkan oleh *Dickeya chrysanthemi* menjadi salah satu ancaman utama terhadap kesehatan tanaman porang (*Amorphophallus muelleri* Bl.), sehingga diperlukan upaya pengendalian berbasis agens hayati. *Bacillus aerius* berpotensi sebagai bakteri pemacu kesehatan tanaman dan antagonis patogen, namun identifikasi spesiesnya memerlukan pendekatan molekuler karena kemiripan karakter fenotipik antarspesies dalam genus *Bacillus*. Tujuan penelitian untuk mengidentifikasi secara molekuler isolat bakteri yang dieksplorasi dari tanaman porang sehat yang tumbuh di antara populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi* melalui analisis gen 16S rRNA, dan menentukan tingkat kemiripan sekuensnya dengan data pada basis data GenBank sebagai dasar penetapan identitas taksonomi isolat. Penelitian dilakukan menggunakan metode identifikasi molekuler melalui analisis gen 16S rRNA yang meliputi isolasi DNA, amplifikasi PCR, sekuensing, dan pencocokan sekuens terhadap basis data GenBank untuk menentukan identitas taksonomi isolat bakteri. Hasil penelitian menunjukkan bahwa isolat bakteri endofit dari tanaman porang sehat menunjukkan kemiripan genetik tertinggi dengan sekuens yang terdaftar sebagai *Bacillus aerius* pada basis data GenBank. Keberadaan bakteri pada tanaman porang sehat di antara populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi* mengindikasikan bahwa bakteri ini memiliki mekanisme perlindungan alami yang berpotensi ekologis dalam mendukung kesehatan tanaman dan berpeluang sebagai agens pengendali hayati berbasis mikroba endofit.

Kata Kunci: *Bacillus aerius*, busuk umbi, *Dickeya chrysanthemi*, GenBank

Molecular Identification of Endophytic Bacterial Isolates from Healthy Porang Plants (*Amorphophallus muelleri* Bl.) Based on 16S rRNA Gene Analysis

ABSTRACT

*Tuber rot caused by *Dickeya chrysanthemi* is one of the major threats to the health of porang plants (*Amorphophallus muelleri* Bl.), making it necessary to implement control measures based on biological agents. *Bacillus aerius* has the potential to act as a plant-health-promoting bacterium and a pathogen antagonist; however, species identification requires a molecular approach due to the similarity of phenotypic characteristics among species within the genus *Bacillus*. The objective of this study is to conduct molecular identification of bacterial isolates collected from healthy porang plants growing among a population of plants suspected of being infected with tuber rot caused by *Dickeya chrysanthemi* through 16S rRNA gene analysis, and to determine the degree of sequence similarity with data in the GenBank database as a basis for establishing the taxonomic identity of the isolates. The study was conducted using molecular identification methods through 16S rRNA gene analysis, which included DNA isolation, PCR amplification, sequencing, and sequence matching against the GenBank database to determine the taxonomic identity of the bacterial isolates. The results showed that endophytic bacterial isolates from healthy porang plants exhibited the highest genetic similarity to a sequence listed as *Bacillus aerius* in the GenBank database. The presence of these bacteria in healthy porang plants among a population of plants suspected of being infected with tuber rot caused by *Dickeya chrysanthemi* indicates that these bacteria possess natural defense mechanisms with ecological potential to support plant health and may serve as endophytic microbial-based biological control agents.*

Keywords: *Bacillus aerius*, tuber rot, *Dickeya chrysanthemi*, GenBank

PENDAHULUAN

Tanaman Porang (*Amorphophallus muelleri* Bl.) telah berkembang menjadi salah satu komoditas pertanian bernilai strategis di Indonesia seiring meningkatnya permintaan glukomanan sebagai bahan baku berbagai industri, termasuk pangan, farmasi, kosmetik, biomaterial, dan produk ramah lingkungan (Emilda, 2024; Hosiana *et al.*, 2023; Isnaini *et al.*, 2025; Nurlela *et al.*, 2022; Yanuriati *et al.*, 2017). Sifat glukomanan yang hidrofilik, biokompatibel, dan mampu membentuk gel menjadikan komoditas ini memiliki prospek ekonomi yang tinggi di pasar global (Trongtorkit *et al.*, 2025; Waresindo *et al.*, 2025; Yanuriati *et al.*, 2017). Kondisi tersebut mendorong perluasan budi daya porang di berbagai wilayah sehingga upaya peningkatan produktivitas perlu diimbangi dengan pengelolaan kesehatan tanaman yang efektif untuk menjamin keberlanjutan produksi (Emilda, 2024; Isnaini *et al.*, 2025; Maghfiroh *et al.*, 2022).

Intensifikasi budi daya porang diikuti oleh meningkatnya risiko serangan penyakit, terutama busuk umbi yang disebabkan oleh bakteri dari genus *Dickeya*. Patogen Gram-negatif ini dikenal sebagai penyebab penyakit *soft rot* pada berbagai tanaman budi daya melalui produksi enzim pektinolitik, selulolitik, dan proteolitik yang merusak dinding sel tanaman, sehingga menyebabkan jaringan mengalami pelunakan dan pembusukan (Toth *et al.*, 2011; Charkowski, 2018; Maghfiroh *et al.*, 2022; Zhang *et al.*, 2022). Dampak infeksi tidak hanya menurunkan hasil dan mutu umbi, tetapi juga menyulitkan pengendalian penyakit karena bakteri mampu bertahan pada tanah, sisa tanaman, air irigasi, maupun bahan tanam. Kemampuan adaptasi terhadap berbagai kondisi lingkungan dan kisaran inang yang luas menyebabkan *Dickeya* menjadi salah satu patogen penting yang memerlukan strategi pengendalian yang lebih berkelanjutan dibandingkan pendekatan yang hanya mengandalkan bakterisida (Charkowski, 2018; Toth *et al.*, 2021; van der Wolf *et al.*, 2021).

Seiring berkembangnya konsep *plant health*, kesehatan tanaman tidak lagi dipandang semata-mata sebagai hasil interaksi antara tanaman dan patogen, melainkan sebagai konsekuensi dari interaksi kompleks antara tanaman dengan komunitas mikroorganisme penyusunnya, yakni mikrobioma pada tanaman (*plant microbiome*). Mikroorganisme yang menghuni rizosfer, endosfer, maupun permukaan jaringan tanaman berkontribusi dalam meningkatkan penyerapan unsur hara, menghasilkan fitohormon, menginduksi ketahanan sistemik, dan menekan perkembangan patogen melalui kompetisi maupun produksi metabolit antimikroba ((Ayilara *et al.*, 2023; Compant *et al.*, 2019; Hassani *et al.*, 2018; Wankhade *et al.*, 2025). Dengan demikian, keberadaan mikrobioma tertentu sering kali berkaitan dengan kemampuan tanaman mempertahankan kondisi sehat meskipun berada pada lingkungan yang mengalami tekanan penyakit.

Fenomena ditemukannya tanaman porang yang tetap tumbuh sehat di antara populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi* mengindikasikan adanya mekanisme perlindungan alami yang berpotensi melibatkan komunitas mikroorganisme protektif. Kondisi tersebut menjadikan tanaman sehat pada lingkungan bertekanan patogen sebagai sumber yang prospektif untuk mengeksplorasi bakteri dengan kemampuan antagonistik (Amoo *et al.*, 2023; Spooren *et al.*, 2024). Pendekatan ini dinilai lebih rasional dibandingkan eksplorasi secara acak karena isolat yang berhasil bertahan pada kondisi tersebut diduga telah beradaptasi terhadap keberadaan patogen sehingga berpotensi memiliki aktivitas biologis yang mendukung kesehatan tanaman.

Di antara berbagai bakteri yang berasosiasi dengan tanaman, genus *Bacillus* merupakan salah satu kelompok yang paling banyak dilaporkan memiliki potensi sebagai *plant growth-promoting rhizobacteria* (PGPR) maupun agens pengendali hayati. Kemampuan membentuk endospora memungkinkan bakteri ini bertahan pada berbagai kondisi lingkungan, sedangkan produksi metabolit bioaktif, seperti fitohormon, siderofor, enzim hidrolitik, lipopeptida antimikroba, dan senyawa volatil, berkontribusi terhadap peningkatan pertumbuhan tanaman dan penekanan perkembangan patogen (Fira *et al.*, 2018; Hashem *et al.*, 2019; Miljaković *et al.*, 2020; Rabbee *et al.*, 2019; Shafi *et al.*, 2017). Salah satu spesies yang mulai mendapat perhatian adalah *Bacillus aerius*, yang telah dilaporkan memiliki kemampuan meningkatkan ketahanan tanaman terhadap berbagai cekaman dan menunjukkan aktivitas antagonistik terhadap beberapa mikroorganisme patogen (Jayanti *et al.*, 2025; Kim *et al.*, 2019). Meskipun demikian, informasi mengenai keberadaan dan peran ekologis spesies ini pada tanaman porang masih sangat terbatas.

Potensi biologis suatu isolat *Bacillus* tidak dapat ditentukan hanya berdasarkan karakter fenotipiknya karena banyak spesies dalam genus ini memiliki morfologi koloni, karakter fisiologis, dan sifat biokimia yang sangat serupa (Jurry *et al.*, 2026; Wulandari *et al.*, 2024a; Xu & Kovács, 2024). Sebagai contoh, *Bacillus cereus*, *Bacillus thuringiensis*, dan *Bacillus anthracis* memiliki kemiripan morfologi, fisiologi, serta kedekatan genetik yang tinggi, namun di antara mereka memiliki peran yang berbeda. *Bacillus cereus* dikenal sebagai bakteri penyebab keracunan pangan, *Bacillus anthracis* merupakan penyebab penyakit antraks, sedangkan *Bacillus thuringiensis* banyak dimanfaatkan sebagai biopestisida dalam pengendalian hama serangga (Ehling-Schulz *et al.*, 2019). Kondisi tersebut menyebabkan identifikasi konvensional sering kali belum mampu memberikan resolusi hingga tingkat spesies, sehingga berisiko menimbulkan kesalahan dalam interpretasi fungsi biologis isolat. Oleh sebab itu, identifikasi molekuler menjadi tahapan yang penting untuk memastikan identitas taksonomi sebelum suatu isolat dikaji lebih lanjut sebagai kandidat bakteri fungsional.

Analisis gen 16S rRNA masih menjadi pendekatan yang paling luas digunakan dalam identifikasi awal bakteri karena gen ini dimiliki oleh seluruh bakteri dan memiliki daerah konservatif dan hipervariabel yang memungkinkan pembedaan hubungan evolusioner antartakson (de Souza *et al.*, 2025; Xu & Kovács, 2024; Yang *et al.*, 2024). Hasil sekuensing selanjutnya dibandingkan dengan basis data publik, seperti GenBank, menggunakan algoritma BLAST untuk memperoleh tingkat kemiripan sekuens sebagai dasar penentuan identitas taksonomi. Meskipun metode berbasis genom utuh mampu memberikan resolusi yang lebih tinggi, analisis gen 16S rRNA tetap menjadi pendekatan yang efisien, reliabel, dan banyak digunakan dalam penelitian eksplorasi mikroorganisme karena mampu memberikan informasi awal mengenai kedekatan filogenetik suatu isolat (de Souza *et al.*, 2025; Xu & Kovács, 2024).

Hingga saat ini, penelitian mengenai bakteri yang berasosiasi dengan tanaman porang masih didominasi oleh eksplorasi mikroorganisme tanah, bakteri pelarut fosfat, maupun bakteri pemacu pertumbuhan tanaman. Sebaliknya, informasi mengenai identitas molekuler bakteri yang secara alami mengkolonisasi tanaman porang sehat yang mampu bertahan di tengah populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi* masih sangat terbatas. Padahal, tanaman yang tetap sehat pada kondisi tersebut berpotensi menjadi sumber mikroorganisme protektif dengan kemampuan adaptasi maupun aktivitas antagonistik terhadap patogen. Keterbatasan informasi ini menunjukkan adanya *research gap* yang penting untuk dikaji sebagai dasar pengembangan agens hayati yang lebih efektif dan berkelanjutan.

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini menawarkan kebaruan melalui identifikasi molekuler isolat bakteri yang berasal dari tanaman porang sehat yang tumbuh pada lingkungan dengan tekanan patogen. Berbeda dengan penelitian sebelumnya yang umumnya mengeksplorasi bakteri dari tanah atau tanaman sehat tanpa mempertimbangkan kondisi epidemiologis di lapangan, penelitian ini memanfaatkan tanaman yang tetap sehat sebagai sumber isolat dengan asumsi bahwa mikroorganisme yang berasosiasi dengannya berpotensi berperan dalam mempertahankan kesehatan tanaman. Pendekatan tersebut diharapkan dapat memberikan informasi taksonomi yang akurat mengenai isolat yang diduga termasuk *Bacillus aerius* sekaligus menjadi landasan bagi penelitian lanjutan mengenai mekanisme biologis dan potensi pemanfaatannya sebagai agens pengendali hayati maupun *plant growth-promoting bacteria*.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini bertujuan mengidentifikasi secara molekuler isolat bakteri yang dieksplorasi dari tanaman porang (*Amorphophallus muelleri* Bl.) sehat yang tumbuh di antara populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi* melalui analisis gen 16S rRNA dan menentukan tingkat kemiripan sekuensnya dengan data pada basis data GenBank sebagai dasar penetapan identitas taksonomi isolat.

METODE PENELITIAN

Desain Penelitian

Penelitian ini menggunakan pendekatan eksperimental laboratorium yang bertujuan untuk mengidentifikasi secara molekuler isolat bakteri endofit yang diperoleh dari tanaman porang (*Amorphophallus muelleri* Bl.) sehat yang tumbuh di antara populasi tanaman yang diduga mengalami penyakit busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi*. Identifikasi dilakukan menggunakan analisis gen 16S rRNA sebagai penanda molekuler untuk menentukan identitas taksonomi isolat berdasarkan tingkat kemiripan sekuens dengan data pada *GenBank*.

Sampel dan Lokasi Penelitian

Umbi porang sehat (*Amorphophallus muelleri* Bl.) diambil secara acak dari tanaman porang sehat yang berada di antara populasi tanaman yang terindikasi terinfeksi busuk umbi akibat *Dickeya chrysanthemi*. Lokasi pengambilan di kawasan pertanian porang milik Kelompok Tani Merangin, Kabupaten Merangin, Provinsi Jambi. Alasan pemilihan lokasi ini karena pada saat itu pertanian porang tersebut sedang terkena serangan penyakit busuk umbi. Pemilihan umbi sehat dilakukan untuk memperoleh isolat bakteri yang berpotensi sebagai mikroba endofit dan kandidat agens pengendali hayati. Sampel yang didapat kemudian diisolasi di Laboratorium Agens Hayati dan selanjutnya diidentifikasi di Laboratorium Molekuler, Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBPOPT), di Kabupaten Karawang, Provinsi Jawa Barat.

Isolat Bakteri

Umbi porang dibersihkan pada air mengalir kemudian dipotong dengan menggunakan gunting steril hingga menjadi ukuran ± 1 cm. Siapkan tiga buah cawan petri, kemudian isi dengan larutan alkohol 70% atau NaOCl 1% pada cawan pertama dan air steril pada cawan kedua dan ketiga. Rendam sampel pada larutan alkohol 70% atau NaOCl 1% selama 1 menit (cawan pertama), kemudian bilas sampel pada air steril sebanyak dua kali (cawan kedua dan ketiga). Sampel yang sudah dibersihkan

kemudian dikeringanginkan di atas kertas saring. Susun sampel pada media PDA dengan pinset steril dan inkubasi pada suhu 28–30° C selama 3 x 24 jam sebelum digunakan pada tahap analisis molekuler. Seluruh pekerjaan dilakukan secara aseptis (BBPOPT, 2024).

Isolasi DNA Genom

Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan Qiagen Qiamp DNA Mini Kit (Cat. No. 51304). Tahapan ekstraksi DNA diawali dengan menyiapkan *block heater* pada suhu 56° C, kemudian larutan lysozyme sebanyak 200 µl dimasukkan ke dalam *collection tube* berukuran 1,5 ml yang ditambahkan biakan bakteri murni menggunakan jarum ose. Campuran tersebut dihomogenkan menggunakan vortex selama 15 detik, lalu disentrifugasi pada kecepatan 7.500 rpm selama 1 menit. Buang supernatan menggunakan mikropipet kemudian ditambahkan 180 µl buffer ATL dan kembali dihomogenkan dengan vortex selama 30 detik, selanjutnya dilakukan sentrifugasi selama 1 menit, lalu ditambahkan 20 µl proteinase K. Langkah berikutnya inkubasikan pada suhu 56°C selama 1 jam dengan divortex setiap 10 menit, kemudian dilanjutkan inkubasi kembali. Setelah itu, ditambahkan 200 µl buffer AL dan dihomogenkan menggunakan vortex selama 15 detik, kemudian dilakukan sentrifugasi selama 1 menit. Tambahkan 200 µl etanol dan dihomogenkan kembali dengan vortex selama 15 detik, dilanjutkan dengan sentrifugasi selama 1 menit. Seluruh volume sampel kemudian dipindahkan ke mini spin column yang telah disiapkan dalam *collection tube* baru dan disentrifugasi pada kecepatan 8.000 rpm selama 1 menit. Cairan hasil sentrifugasi dibuang, sementara *collection tube* tetap digunakan kembali. Tahap pencucian dilakukan dengan menambahkan 500 µl buffer AW1, disentrifugasi pada 8.000 rpm selama 1 menit, kemudian supernatan dibuang dan ditambahkan 500 µl buffer AW2 dan disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 3 menit. *Spin column* kemudian dipindahkan ke *collection tube* baru dan disentrifugasi kembali pada 14.000 rpm selama 1 menit untuk menguapkan sisa etanol. Tahap akhir dilakukan dengan memindahkan spin column ke *collection tube* 1,5 ml yang baru, kemudian ditambahkan 100 µl buffer AE. *Spin column* kemudian dibuang, dan hasil elusi berupa DNA siap digunakan untuk proses amplifikasi. DNA juga dapat disimpan pada *freezer* bersuhu -20° C atau -80° C. DNA hasil ekstraksi langsung digunakan sebagai templat pada proses amplifikasi PCR. Kualitas hasil ekstraksi dievaluasi secara tidak langsung berdasarkan keberhasilan amplifikasi gen target pada tahap PCR, tanpa dilakukan pengukuran kualitas dan kuantitas DNA secara terpisah (BBPOPT, 2024).

Amplifikasi Gen 16S rRNA

Proses amplifikasi gen 16S rRNA dilakukan dengan pembuatan PCR mix yaitu 12,5 µl Q5 *Hot Start High-Fidelity 2x Master Mix* (M04925), 1,25 µl primer 16S forward (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'), 1,25 µl primer 16S reverse (5'-GGTTACCTTGTACGACTT-3'), 2 µl DNA template, 8 µl Rnase-free water (No. Lot. 157033234) sehingga total volume mencapai 25 µl. Proses amplifikasi dilakukan pada mesin PCR yang diatur sesuai program yaitu dari proses initial denaturasi awal pada suhu 98°C selama 30 detik kemudian dilanjutkan dengan proses amplifikasi yaitu 35 siklus yang masing-masing terdiri dari 3 tahap yaitu tahap denaturasi pada suhu 98° C selama 10 detik, kemudian tahap annealing pada suhu 60° C selama 30 detik dan tahap extension pada suhu 72° C selama 30 detik. Setelah siklus selesai terjadi proses final extension pada 72°C selama 2 menit sehingga keseluruhan proses berjalan selama ±1 jam. Hasil amplifikasi ini disimpan pada *freezer* bersuhu -80° C hingga dilakukan proses sekuensing (BBPOPT, 2024).

Sekuensing dan Analisis Blasting

Produk amplifikasi gen 16S rRNA yang berhasil diperoleh selanjutnya dikirim ke laboratorium penyedia jasa sekuensing untuk dilakukan pembacaan urutan nukleotida. Hasil sekuensing kemudian diedit dan dianalisis menggunakan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) pada basis data *GenBank* milik *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>) untuk mengetahui tingkat kemiripan sekuens dengan spesies yang telah terdaftar. Identifikasi spesies dilakukan berdasarkan tingkat kesamaan urutan gen 16S rRNA sesuai standar taksonomi molekuler yang dikemukakan oleh Chun *et al.* (2018).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Purifikasi dilakukan untuk memperoleh koloni tunggal bakteri yang selanjutnya digunakan pada tahap identifikasi. Setelah inkubasi selama tiga hari, diperoleh koloni tunggal yang menunjukkan karakteristik morfologi berbentuk bulat, berwarna putih hingga krem, permukaan halus dan sedikit mengkilap, serta memiliki tepi koloni tidak rata. Pengamatan mikroskopis menunjukkan bahwa isolat memiliki bentuk sel batang (*rod-shaped*), bersifat Gram positif berdasarkan uji KOH 3%, dan mampu membentuk endospora pada kondisi tertentu. Karakteristik tersebut sesuai dengan deskripsi morfologi *Bacillus aerius* yang dilaporkan oleh Shivaji *et al.* (2006), yaitu bakteri berbentuk batang berukuran $0,5\text{--}0,8 \times 1,5\text{--}2,5 \mu\text{m}$, bersifat aerob obligat, motil dengan flagela peritrikus, tidak menghasilkan pigmen, dan membentuk endospora elips pada posisi subterminal. Dengan demikian dapat dikatakan bahwa berdasarkan karakteristik morfologi dan fisiologi yang diperoleh menunjukkan bahwa isolat termasuk ke dalam genus *Bacillus*. Namun, karakter tersebut belum cukup untuk memastikan identitas hingga tingkat spesies karena banyak anggota genus *Bacillus* memiliki kemiripan fenotipik yang tinggi. Oleh sebab itu, identifikasi dilanjutkan menggunakan analisis molekuler gen 16S rRNA.

Hasil analisis sekuens gen 16S rRNA menunjukkan bahwa isolat bakteri dengan kode 099.3 memiliki tingkat kemiripan sebesar 99,31% terhadap *Bacillus aerius* strain GR118 (MZ508307.1) dengan nilai query cover 100% (Tabel 1). Berdasarkan kriteria taksonomi molekuler yang dikemukakan oleh Chun *et al.* (2018), tingkat kemiripan $\geq 97\%$ pada gen 16S rRNA telah memenuhi ambang batas identifikasi spesies, sehingga isolat ini dapat dikategorikan sebagai *B. aerius*. Hasil tersebut menunjukkan bahwa identifikasi molekuler mampu memberikan kepastian taksonomi yang lebih akurat dibandingkan pendekatan morfologi semata.

Tabel 1. Hasil identifikasi molekuler sampel 099.3 (kode 3) berdasarkan analisis sekuens gen 16S rRNA menggunakan NCBI BLAST

No/ Kode Sampel	Bentuk	Parameter	Metode	Hasil	Query Cover (%)	Kemiripan (%)	No. Akses GenBank	Asal Negara
No. 099.3 Kode 3	streak	16S rRNA	PCR-Sequencing	<i>Bacillus aerius</i> Strain GR 118	100	99.31	MZ508307.1	Indonesia

Kecocokan yang tinggi antara isolat porang sehat dan *B. aerius* strain GR118 menunjukkan bahwa spesies ini memiliki kemampuan beradaptasi pada berbagai kondisi lingkungan. Temuan ini didukung oleh beberapa hasil riset antara lain Shivaji *et al.* (2006) merupakan peneliti pertama yang mengidentifikasi *B. aerius* dari udara stratosfer. Selain itu, Bhari *et al.* (2020) dan Asrul & Aryantha (2021) juga melaporkan keberadaan spesies ini pada habitat yang berbeda, seperti tanah dan jaringan tanaman. Begitu pula Alrumman *et al.* (2018) menyampaikan bahwa isolat *B. aerius* juga ditemukan di mata air panas yang memiliki karakter genetik serupa berdasarkan analisis gen 16S rRNA. Hal ini mengindikasikan adanya kemampuan adaptasi *B. aerius* pada lingkungan yang beragam, termasuk kondisi ekstrem.

Tingkat kemiripan genetik yang diperoleh pada penelitian ini juga sejalan dengan hasil penelitian sebelumnya. Bhari *et al.* (2020) melaporkan bahwa isolat *B. aerius* dari limbah bulu ayam di India memiliki kemiripan sekuens gen 16S rRNA sebesar 99,4% terhadap strain tipe DSMZ 19569. Nilai tersebut sangat dekat dengan hasil penelitian ini (99,31%), yang menunjukkan bahwa variasi genetik antarstrain *B. aerius* relatif rendah meskipun berasal dari habitat yang berbeda (Gambar 1). Fenomena serupa juga dilaporkan oleh Wulandari *et al.* (2024), yang menemukan isolat *Bacillus* sp. dengan kemiripan 99,28% terhadap *B. aerius*. Hasil tersebut menunjukkan bahwa gen 16S rRNA pada *B. aerius* bersifat sangat konservatif sehingga efektif digunakan sebagai penanda molekuler dalam identifikasi spesies.

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
✓	Bacterium strain S256 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	bacterium	1840	1840	99%	0.0	99.41%	1450	MZ461807.1
✓	Bacterium strain S239 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	bacterium	1838	1838	99%	0.0	99.41%	1445	MZ461796.1
✓	Bacillus aerius strain GR 118 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus aerius	1838	1838	100%	0.0	99.31%	1097	MZ508307.1
✓	Bacterium 1-gw2-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	bacterium 1-gw2-5	1838	1838	99%	0.0	99.31%	1490	DQ990021.1
✓	Bacillus altitudinis strain NPB34b 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus altitudinis	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1480	MT598007.1
✓	Bacillus xiamenensis strain SW11SE 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus xiamenensis	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1484	MN069010.1
✓	Bacillus altitudinis strain cqsm_g9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus altitudinis	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1486	MN826596.1
✓	Bacillus altitudinis strain SCU11 chromosome, complete genome	Bacillus altitudinis	1836	14693	99%	0.0	99.31%	3755707	CP038517.1
✓	Bacillus altitudinis strain 11-1-1 chromosome, complete genome	Bacillus altitudinis	1836	14671	99%	0.0	99.31%	3879167	CP054136.1
✓	Bacillus sp. (in: Bacteria) strain K05 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus sp. (in: Bacteria)	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1457	MT453897.1
✓	Bacillus sp. (in: Bacteria) strain AJM156 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus sp. (in: Bacteria)	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1439	MT444118.1
✓	Bacillus altitudinis strain IHB B1644 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Bacillus altitudinis	1836	1836	99%	0.0	99.31%	1503	MT328683.1

Gambar 1. Hasil pencocokan sekuens 16S rRNA sampel 099.3 menggunakan NCBI BLAST

Gambar 2 merupakan hasil analisis dari isolat bakteri 099.3 (kode 3) yang memiliki kemiripan tertinggi dengan *Bacillus aerius* strain GR118 (*GenBank* accession number MZ508307.1).

GenBank

Bacillus aerius strain GR 118 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: MZ508307.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: ☐

LOCUS MZ508307 1097 bp DNA linear BCT 12-JUL-2021

DEFINITION Bacillus aerius strain GR 118 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION MZ508307

VERSION MZ508307.1

KEYWORDS .

SOURCE Bacillus aerius

ORGANISM *Bacillus aerius*

REFERENCE 1 (bases 1 to 1097)

AUTHORS Sabdono,A., Siberio,M.T., Wijaya,A.P. and Radjasa,O.K.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (06-JUL-2021) Marine Science, Diponegoro University, Prof. Sudarto St., No. 13, Tembalang, Semarang, Central Java 50275, Indonesia

COMMENT ##Assembly-Data-START## Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing ##Assembly-Data-END##

FEATURES

source

1..1097

/organism="Bacillus aerius"

/mol_type="genomic DNA"

Send to:

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

Taxonomy

Recent activity

Turn Off Clear

Bacillus aerius strain GR 118 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Nucleotide

Bacillus aerius strain LB20 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Nucleotide

Bacillus aerius strain LEB43 16S ribosomal RNA gene, partial sequence Nucleotide

Gambar 2. Data sekuens pembandingan *B. aerius* strain GR118 dari basis data *GenBank*

Berdasarkan perspektif ekologi mikroba, keberadaan *B. aerius* pada umbi porang sehat yang tumbuh di antara populasi tanaman yang diduga terinfeksi busuk umbi mengindikasikan bahwa kemungkinan besar bakteri ini memiliki peran sebagai mikroba endofit. Beberapa penelitian melaporkan bahwa *B. aerius* mampu menghasilkan berbagai enzim hidrolitik seperti protease dan amilase yang berperan dalam degradasi bahan organik kompleks (Bhari *et al.*, 2020). Selain itu, Priyanto *et al.* (2023) menunjukkan bahwa spesies ini memiliki potensi sebagai probiotik alami yang mampu menekan perkembangan mikroorganisme patogen. Temuan tersebut menunjukkan bahwa isolat *B. aerius* dari porang berpotensi untuk dikembangkan sebagai agens pengendali hayati yang ramah lingkungan, meskipun pengujian aktivitas biologisnya masih perlu dilakukan pada penelitian lanjutan. Keberhasilan identifikasi isolat 099.3 sebagai *B. aerius* juga menegaskan pentingnya penggunaan pendekatan molekuler dalam taksonomi mikroba (Gambar 3). Identifikasi yang hanya didasarkan pada karakter morfologi dan fisiologi berpotensi menimbulkan kesalahan klasifikasi karena banyak anggota genus *Bacillus* memiliki karakter fenotipik yang serupa. Oleh karena itu, analisis gen 16S rRNA tidak hanya berfungsi untuk memastikan identitas spesies, tetapi juga memberikan dasar yang kuat untuk analisis filogenetik dan studi keragaman genetik pada penelitian selanjutnya. Secara keseluruhan, hasil penelitian ini menunjukkan bahwa isolat bakteri yang diperoleh dari umbi porang sehat menunjukkan kemiripan tertinggi dengan sekuens yang terdaftar sebagai *Bacillus aerius* pada basis data *GenBank*.

```

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            10         20         30         40         50
4552859_3_ NNCACCTTCG GCGGCTGGCT CCATAAAGGT TACCTCACCG ACTTCGGGTG

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            60         70         80         90        100
4552859_3_ TTGCAAATC TCGTGGTGTG ACGGGCGGTG TGTACAAGGC CCGGGAACGT

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            110        120        130        140        150
4552859_3_ ATTCACCGCG GCATGCTGAT CCGCGATTAC TAGCGATTCC AGCTTCACGC

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            160        170        180        190        200
4552859_3_ AGTCGAGTTG CAGACTGCGA TCCGAACTGA GAACAGATTG GTGGGATTGG

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            210        220        230        240        250
4552859_3_ CTAAACCTTG CGGTCTCGCA GCCCTTTGTT CTGTCCATTG TAGCACGTGT

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            260        270        280        290        300
4552859_3_ GTAGCCCAGG TCATAAGGGG CATGATGATT TGACGTCATC CCCACCTTCC

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            310        320        330        340        350
4552859_3_ TCCGGTTTGT CACCGGCAGT CACCTTAAAG TGCCCAACTG AATGCTGGCA

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            360        370        380        390        400
4552859_3_ ACTAAGATCA AGGGTTGCGC TCGTTGCGGG ACTTAACCCA ACATCTCACG

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            410        420        430        440        450
4552859_3_ ACACGAGCTG ACGACAACCA TGCACCACCT GTCACCTCTGT CCCCGAAGGG

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            460        470        480        490        500
4552859_3_ AAAGCCCTAT CTCTAGGGTT GTCAGAGGAT GTCAAGACCT GGTAAGGTTT

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            510        520        530        540        550
4552859_3_ TTCGCGTTGC TTCGAATTAA ACCACATGCT CCACCCTTG TGCGGGCCCC

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
            560        570        580        590        600
4552859_3_ CGTCAATTCC TTTGAGTTTC AGTCTTGCGA CCGTACTCCC CAGGCGGAGT

```

```

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      610      620      630      640      650
4552859_3_ GCTTAATGCG TTAGCTGCAG CACTAAGGGG CGGAAACCCC CTAACACTTA

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      660      670      680      690      700
4552859_3_ GCACTCATCG TTTACGGCGT GGACTACCAG GGTATCTAAT CCTGTTCGCT

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      710      720      730      740      750
4552859_3_ CCCCACGCTT TCGCTCCTCA GCGTCAGTTA CAGACCAGAG AGTCGCCTTC

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      760      770      780      790      800
4552859_3_ GCCACTGGTG TTCCTCCACA TCTCTACGCA TTTCACCGCT ACACGTGGAA

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      810      820      830      840      850
4552859_3_ TTCCACTCTC CTCTTCTGCA CTCAAGTTTC CCAGTTTCCA ATGACGCTCC

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      860      870      880      890      900
4552859_3_ CCGGTTGAGC CGGGGGCTTT CACATCAGAC TAAAGAAACC GCCTGCGAGC

      910      920      930      940      950
4552859_3_ CCTTTACGCC CAATAATTCC GGACAACGCT TGCCACCTAC GTATAACGGG

      ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
      960      970      980      990      1000
4552859_3_ GCTGCTGGCA CGTAATTAGC CGTGGCTTTC TGGTTAGGTA CCGTCAAGGT

      ....|....| ....|....
      1010
4552859_3_ GCAAGCAGTT ACTCTTGCC

```

Gambar 3. Hasil sekuens 16S rRNA isolat 099.3

SIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis gen 16S rRNA disimpulkan bahwa isolat bakteri dengan kode 099.3 yang diperoleh dari tanaman porang sehat memiliki tingkat kemiripan sebesar 99,31% dengan *B. aerius* strain GR118 dari basis data *GenBank*. Selain itu, merujuk pada kriteria identifikasi molekuler, isolat tersebut dapat dipastikan menunjukkan kemiripan tertinggi dengan sekuens yang terdaftar sebagai *B. aerius* di data *GenBank* karena kesamaan urutan nukleotida yang tinggi sehingga diperkirakan isolat ini memiliki hubungan genetik erat dengan strain *B. aerius* yang telah dilaporkan sebelumnya dari berbagai tempat seperti laut, tanah, limbah organik dan udara. Kondisi ini juga mendukung bahwa antarstrain posisi gen *B. aerius* ini tidak banyak berubah sehingga memudahkan dalam proses identifikasi. Sedangkan jika dilihat dari hubungan kekerabatannya, maka isolat *B. aerius* yang berasal dari umbi porang sehat termasuk dalam klaster *B. aerius* lainnya, adapun adanya variasi genetik antarstrain lebih karena dipengaruhi oleh adaptasi terhadap kondisi lingkungan.

Penelitian ini memberikan dasar yang kuat untuk analisis filogenetik dan studi keragaman genetik pada penelitian selanjutnya, selain itu, juga disarankan untuk dilakukan penelitian berikutnya yang berfokus pada isolat yang diperoleh untuk dikembangkan sebagai agens pengendali hayati, khususnya dalam bidang pertanian berkelanjutan dan pengendalian hayati ramah lingkungan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kepala Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan di Kab. Karawang, Jawa Barat yang telah memfasilitasi penggunaan Laboratorium Agen Hayati dan Laboratorium Molekuler hingga selesainya riset ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Alrumman, S., Mostafa, Y. S. M., Al-Qahtani, S., & Taha, T. H. T. (2018). Hydrolytic enzyme production by thermophilic bacteria isolated from Saudi Hot Springs. *Open Life Sciences*, 13(1), 470–480. <https://doi.org/10.1515/biol-2018-0056>
- Amoo, A. E., Olanrewaju, O. S., Babalola, O. O., Ajilogba, C. F., Chukwuneme, C. F., Ojuederie, O. B., & Omomowo, O. I. (2023). The functionality of plant-microbe interactions in disease suppression. *Journal of King Saud University - Science*, 35(8), 102893. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2023.102893>
- Asrul, Nyoman, I., Aryantha, P., Pertanian, P., & Kupang, N. (2021). Isolasi dan identifikasi bakteri penambat nitrogen untuk pembuatan biofertilizer. *Journal Viabel Pertanian*, 15(1), 16–23. <http://ejournal.unisbablitar.ac.id/index.php/viabel>
- Ayilara, M. S., Adeleke, B. S., & Babalola, O. O. (2023). Bioprospecting and challenges of plant microbiome research for sustainable agriculture: A review on soybean endophytic bacteria. *Microbial Ecology*, 85(3), 1113–1135. <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02136-z>
- BBPOPT. (2024). *Laboratorium pengujian intruksi kerja*. Jakarta: Kementerian Pertanian.
- Bhari, R., Kaur, M., & Singh, R. S. (2020). Nutritional enhancement of chicken feather waste by *Bacillus aerius* NSMk2. *Indian Journal of Microbiology*, 60(4), 518–525. <https://doi.org/10.1007/s12088-020-00897-0>
- Charkowski, A. O. (2018). The changing face of bacterial soft-rot diseases. *Annual Review of Phytopathology*, 56(1), 269–288. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080417-045906>
- Chun, J., Oren, A., Ventosa, A., Christensen, H., Arahall, D. R., da Costa, M. S., Rooney, A. P., Yi, H., Xu, X. W., De Meyer, S., & Trujillo, M. E. (2018). Proposed minimal standards for the use of genome data for the taxonomy of prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(1), 461–466. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002516>
- Compant, S., Samad, A., Faist, H., & Sessitsch, A. (2019). A review on the plant microbiome: Ecology, functions, and emerging trends in microbial application. *Journal of Advanced Research*, 19, 29–37. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2019.03.004>
- de Souza, P., Ramos, J., Vasconcellos, L., Costa, L., Forsythe, S., & Brandão, M. L. (2025). Application and limitations of 16S rRNA gene sequencing for identification of pathogenic gram-negative bacilli. *Infection and Drug Resistance*, 18, 6353–6375. <https://doi.org/10.2147/IDR.S550704>
- Ehling-Schulz, M., Lereclus, D., & Koehler, T. M. (2019). The *Bacillus cereus* group: *Bacillus* species with pathogenic potential. *Microbiology Spectrum*, 7(3). <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.gpp3-0032-2018>
- Emilda, E. (2024). Review-tanaman porang (*Amorphophallus muelleri* Blume) dan potensinya untuk diversifikasi pangan. *Jurnal Teknologi Dan Mutu Pangan*, 2(2), 161–170.
- Fira, D., Dimkić, I., Berić, T., Lozo, J., & Stanković, S. (2018). Biological control of plant pathogens by *Bacillus* species. *Journal of Biotechnology*, 285, 44–55. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2018.07.044>

- Hashem, A., Tabassum, B., & Fathi Abd_Allah, E. (2019). *Bacillus subtilis*: A plant-growth promoting rhizobacterium that also impacts biotic stress. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 26(6), 1291–1297. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2019.05.004>
- Hassani, M. A., Durán, P., & Hacquard, S. (2018). Microbial interactions within the plant holobiont. *Microbiome*, 6(1), 58. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0445-0>
- Hosiana, A. M., Pinatih, G. N. I., & Laksemi, D. A. A. S. (2023). Beneficial health effects of porang (*Amorphophallus muelleri*): A review. *Indonesia Journal of Biomedical Science*, 17(1), 235–238.
- Isnaini, H., Yuhana, T. M., Sholehah, W., & Jannah, A. (2025). Pharmacological benefits of porang (*Amorphophallus muelleri* Blume): A review. *Biota : Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*, 10(2), 169–180. <https://doi.org/10.24002/biota.v10i2.10308>
- Jayanti, R. M., Marisna, I., Abdullah, J. T., Suryanti, S., & Joko, T. (2025). Bioprospecting of plant-beneficial bacillus species for growth promotion and disease suppression. *Tropical Life Sciences Research*, 36(2), 1–21. <https://doi.org/10.21315/tlsr2025.36.2.1>
- Jurry, A. G., Sahoo, J. P., Sharma, S. S., Praveena, J., Hossain, S. N., Sahu, N., Pradhan, S., Nayak, P., Tripathy, S., Vijayakumar, D., Dash, S. S., Jena, B., Pradhan, P., & Pradhan, S. S. (2026). Morpho-biochemical and molecular identification of *Bacillus licheniformis* and *Bacillus cereus* isolates from sorghum (*Sorghum bicolor* L.) rhizosphere. *Scientific Reports*, 16(1), 8983. <https://doi.org/10.1038/s41598-026-42932-y>
- Kim, H. S., Kim, J.-Y., Lee, S. M., Park, H.-J., Lee, S.-H., Jang, J. S., & Lee, M. H. (2019). Isolation and characterization of various strains of *Bacillus* spp. for biological control. *Microbiology and Biotechnology Letters*, 47(4), 603–613. <https://doi.org/10.4014/mbl.1904.04001>
- Maghfiroh, E. L., Munif, A., Nawangsih, A. A., & Akhdiya, A. (2022). Karakterisasi bakteri penyebab busuk lunak pada umbi porang (*Amorphophallus muelleri*) menggunakan primer PCR spesifik. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 27(3), 463–472. <https://doi.org/10.18343/jipi.27.3.463>
- Miljković, D., Marinković, J., & Balešević-Tubić, S. (2020). The significance of *Bacillus* spp. in disease suppression and growth promotion of field and vegetable crops. *Microorganisms*, 8(7), 1037. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8071037>
- Nurlela, N., Ariesta, N., Santosa, E., & Mulandri, T. (2022). Physicochemical properties of glucomannan isolated from fresh tubers of *Amorphophallus muelleri* Blume by a multilevel extraction method. *Food Research*, 6(4), 345–353. [https://doi.org/10.26656/fr.2017.6\(4\).580](https://doi.org/10.26656/fr.2017.6(4).580)
- Priyanto, J. A., Ashari, G. A., Yuhana, M., & Wahyudi, A. T. (2023). In vivo anti-vibrio evaluation of sponge-associated bacteria on the survival rate of *Litopenaeus vannamei* infected with pathogenic vibrio species. *Tropical Life Sciences Research*, 34(2), 299–311. <https://doi.org/10.21315/tlsr2023.34.2.15>
- Rabbee, M. F., Ali, Md. S., Choi, J., Hwang, B. S., Jeong, S. C., & Baek, K. (2019). *Bacillus velezensis*: A valuable member of bioactive molecules within plant microbiomes. *Molecules*, 24(6), 1046. <https://doi.org/10.3390/molecules24061046>
- Shafi, J., Tian, H., & Ji, M. (2017). *Bacillus* species as versatile weapons for plant pathogens: A review. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 31(3), 446–459. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1286950>
- Shivaji, S., Chaturvedi, P., Suresh, K., Reddy, G. S. N., Dutt, C. B. S., Wainwright, M., Narlikar, J. V., & Bhargava, P. M. (2006). *Bacillus aerius* sp. nov., *Bacillus aerophilus* sp. nov., *Bacillus stratosphericus* sp. nov. and *Bacillus altitudinis* sp. nov., isolated from cryogenic tubes used for collecting air samples from high altitudes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 56(7), 1465–1473. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64029-0>
- Spooren, J., van Bentum, S., Thomashow, L. S., Pieterse, C. M. J., Weller, D. M., & Berendsen, R. L. (2024). Plant-driven assembly of disease-suppressive soil microbiomes. *Annual Review of Phytopathology*, 62(1), 1–30. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-021622-100127>
- Toth, I. K., Barny, M., Brurberg, M. B., Condemine, G., Czajkowski, R., Elphinstone, J. G., Helias, V., Johnson, S. B., Moleleki, L. N., Pirhonen, M., Rossmann, S., Tsrör, L., van der Waals, J. E., van der Wolf, J. M., Van Gijsegem, F., & Yedidia, I. (2021). *Pectobacterium* and *dickeya*: Environment

- to disease development. In *Plant Diseases Caused by Dickeya and Pectobacterium Species* (pp. 39–84). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-61459-1_3
- Toth, I. K., van der Wolf, J. M., Saddler, G., Lojkowska, E., Hélias, V., Pirhonen, M., Tsrör (Lahkim), L., & Elphinstone, J. G. (2011). *Dickeya* species: An emerging problem for potato production in Europe. In *Plant Pathology* (Vol. 60, Number 3, pp. 385–399). <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02427.x>
- Trongtorkit, W., Kaewsritong, J., & Srikaeo, K. (2025). Konjac: A versatile plant for utilization in nutrition, health and environmental sustainability. *Journal of Food Health and Bioenvironmental Science (JFHB)*, 18(2), 184–202.
- van der Wolf, J. M., Acuña, I., De Boer, S. H., Brurberg, M. B., Cahill, G., Charkowski, A. O., Coutinho, T., Davey, T., Dees, M. W., Degefu, Y., Dupuis, B., Elphinstone, J. G., Fan, J., Fazelisanagri, E., Fleming, T., Gerayeli, N., Gorshkov, V., Helias, V., le Hingrat, Y., ... Yedidia, I. (2021). Diseases caused by *pectobacterium* and *dickeya* species around the world. In *Plant Diseases Caused by Dickeya and Pectobacterium Species* (pp. 215–261). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-61459-1_7
- Wankhade, A., Wilkinson, E., Britt, D. W., & Kaundal, A. (2025). A review of plant–microbe interactions in the rhizosphere and the role of root exudates in microbiome engineering. *Applied Sciences*, 15(13), 7127. <https://doi.org/10.3390/app15137127>
- Waresindo, W. X., Luthfianti, H. R., Afriani, F., Edikresnha, D., Hapidin, D. A., Aimon, A. H., Suciati, T., & Khairurrijal, K. (2025). Extraction and characterization of glucomannan from young porang tubers (*Amorphophallus muelleri* Blume) and its hydrogel formation for potential application in functional foods. *Journal of Food Science and Technology*. <https://doi.org/10.1007/s13197-025-06312-0>
- Wulandari, D., Amatullah, L. H., Lunggani, A. T., Pratiwi, A. R., & Budiharjo, A. (2024a). Antibacterial activity and molecular identification of soft coral *Sinularia* sp. symbiont bacteria from Karimunjawa Island against skin pathogens *Propionibacterium acnes* and *Staphylococcus epidermidis*. *BIO Web of Conferences*, 92, 02001. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20249202001>
- Wulandari, D., Amatullah, L. H., Lunggani, A. T., Pratiwi, A. R., & Budiharjo, A. (2024b). Antibacterial activity and molecular identification of soft coral *Sinularia* sp. symbiont bacteria from Karimunjawa Island against skin pathogens *Propionibacterium acnes* and *Staphylococcus epidermidis*. *BIO Web of Conferences*, 92. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20249202001>
- Xu, X., & Kovács, Á. T. (2024). How to identify and quantify the members of the *Bacillus* genus? *Environmental Microbiology*, 26(2), e16593. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.16593>
- Yang, M.-Q., Wang, Z.-J., Zhai, C.-B., & Chen, L.-Q. (2024). Research progress on the application of 16S rRNA gene sequencing and machine learning in forensic microbiome individual identification. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1360457. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1360457>
- Yanuriati, A., Marseno, D. W., Rochmadi, R., & Harmayani, E. (2017). Characteristics of glucomannan isolated from fresh tuber of Porang (*Amorphophallus muelleri* Blume). *Carbohydrate Polymers*, 156, 56–63. <https://doi.org/10.1016/j.carbpol.2016.08.080>