

Rhizosphere Microbiome of Arabica Coffee (*Coffea arabica* L.) Analyzed Using Oxford Nanopore 16S Sequencing

Selvia Pinte Nate¹ & Syafrina Sari Lubis^{1*}

¹Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Ar-Raniry, Banda Aceh, Indonesia;

Article History

Received : November 20th, 2025

Revised : December 08th, 2025

Accepted : December 16th, 2025

*Corresponding Author:

Syafrina Sari Lubis, Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Ar-Raniry, Banda Aceh, Indonesia;

Email: syafriinasarilbs@ar-raniry.ac.id

Abstract: The rhizosphere microbiome plays a key role in nutrient cycling, soil structure, and plant health in *Coffea arabica*. This study analyzed the bacterial community composition of Arabica coffee rhizosphere soil from Tawar Miko, Aceh Tengah, using full-length 16S rRNA sequencing on the Oxford Nanopore platform. Taxonomic profiling revealed ten dominant phyla, including Pseudomonadota (43.77%), Acidobacteriota (18.17%), Planctomycetota (11.23%), Actinomycetota (5.81%), Myxococcota (4.08%), Bacteroidota (3.35%), Bacillota (2.86%), Thermodesulfobacteriota (2.69%), and Nitrospirota (2.26%). At the genus level, the most abundant taxa were *Vicinamibacter* (8.61%), *Bradyrhizobium* (4.14%), *Brevitalea* (4.03%), *Pseudolabrys* (2.64%), *Nitrospira* (2.26%), *Acidibacter* (1.97%), *Streptomyces* (1.76%), *Sandaracinobacter* (1.70%), and *Paraburkholderia* (1.57%). Species-level assessment indicated that *Bradyrhizobium* sp. was the most abundant, followed by *Vicinamibacter* sp., *Brevitalea* sp., *Nitrospira* sp., *Paraburkholderia* sp., *Pseudolabrys* sp., and *Acidibacter* sp., while low-abundance species (<3%) included *Streptomyces* sp. and *Sandaracinobacter* sp. These dominant species contribute to nitrogen fixation, nitrite oxidation, organic matter degradation, hydrocarbon metabolism, and natural biocontrol activity. The balanced distribution across taxa indicates a stable and functionally complementary microbial community that supports soil health and enhances the growth of Arabica coffee in highland agroecosystems.

Keywords: 16S rRNA, *Coffea arabica*, Oxford Nanopore, Rhizosphere.

Pendahuluan

Mikrobiota rizosfer merupakan komunitas mikroorganisme yang hidup dan berinteraksi di sekitar zona perakaran tanaman. Komunitas mikroba ini memiliki peranan penting dalam menjaga stabilitas ekosistem tanah, termasuk dalam proses biogeokimia seperti dekomposisi bahan organik, fiksasi nitrogen, pelarutan fosfat, serta produksi senyawa yang mendukung ketahanan tanaman terhadap stres abiotik dan biotik. Keragaman mikrobiota yang tinggi dan seimbang diketahui mampu meningkatkan kesehatan tanah, memperbaiki ketersediaan nutrisi, serta memperkuat pertumbuhan tanaman pada berbagai kondisi lingkungan (Mendes et al., 2023; Chen et al., 2022). Dalam konteks pertanian berkelanjutan,

pemahaman mendalam tentang struktur komunitas mikroba rizosfer menjadi sangat penting karena mikroba berfungsi sebagai *plant growth-promoting rhizobacteria* (PGPR) serta agen biokontrol alami bagi tanaman.

Kopi Arabika (*Coffea arabica* L.) merupakan salah satu komoditas perkebunan unggulan Indonesia yang memiliki nilai ekonomi, sosial, dan ekologis tinggi. Tanaman ini menjadi sumber penghidupan bagi masyarakat di wilayah dataran tinggi, termasuk Kabupaten Aceh Tengah yang dikenal sebagai sentra produksi kopi Arabika berkualitas premium. Kondisi geografis daerah Takengon dengan ketinggian 1.200–1.700 mdpl, tanah vulkanik subur, serta iklim sejuk menjadikannya habitat ideal bagi pertumbuhan kopi. Namun demikian, produktivitas tanaman kopi Arabika

sangat bergantung pada kesehatan tanah dan keseimbangan mikroorganisme yang hidup di sekitar perakarannya (Fulthorpe *et al.*, 2020).

Zona rizosfer, yaitu wilayah mikroekologis di sekitar akar tanaman, merupakan area interaksi intensif antara akar, mikroorganisme, dan lingkungan tanah. Di zona ini, mikroba berperan penting dalam siklus biogeokimia, seperti fiksasi nitrogen, pelarutan fosfat, dan dekomposisi bahan organik (Mendes *et al.*, 2023). Mikroorganisme rizosfer juga berfungsi sebagai agen biokontrol alami terhadap patogen serta meningkatkan toleransi tanaman terhadap stres abiotik, termasuk kekeringan dan defisiensi nutrien (Rilling *et al.*, 2021). Keberadaan mikroba yang beragam dan seimbang dalam rizosfer diketahui mampu mendukung produktivitas tanaman serta memperkuat daya tahan terhadap penyakit akar (Chen *et al.*, 2022).

Komposisi komunitas mikroba rizosfer kopi Arabika sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan, terutama elevasi, ketersediaan bahan organik, dan tingkat penyinaran. Penelitian oleh Tapaca *et al.* (2024) menunjukkan bahwa elevasi dan tingkat irradiance berpengaruh signifikan terhadap keragaman mikrobiota tanah pada tanaman kopi Arabika. Pada ketinggian sekitar 800 m, ditemukan keragaman mikroba yang lebih tinggi dibandingkan lahan rendah, dengan dominansi *Proteobacteria* dan *Actinobacteriota*. Hasil serupa juga dilaporkan oleh Avelino *et al.* (2022) yang menemukan bahwa genus bakteri seperti *Pseudomonas*, *Bradyrhizobium*, dan *Burkholderia* mendominasi komunitas rizosfer dan diketahui berperan penting dalam fiksasi nitrogen serta peningkatan pertumbuhan tanaman. Selain itu, kelompok fungi seperti *Trichoderma* dan *Rhizophagus* dilaporkan memiliki peran sebagai agen biokontrol alami terhadap patogen akar (Henriquez *et al.*, 2024).

Studi metagenomik dan metabarcoding telah menjadi pendekatan modern untuk memahami komunitas mikroba tanah tanpa harus melalui proses kultur konvensional. Teknik ini memungkinkan identifikasi cepat dan akurat terhadap takson mikroba melalui penanda gen 16S rRNA untuk bakteri dan ITS untuk fungi (Andrade *et al.*, 2023). Dengan kemajuan teknologi sekuensing generasi baru seperti Oxford Nanopore dan Illumina, kini analisis keanekaragaman mikroba dapat dilakukan

dengan resolusi tinggi, mencakup estimasi alfa- dan beta-diversitas, serta prediksi fungsi ekologi komunitas mikroba (Pino *et al.*, 2023).

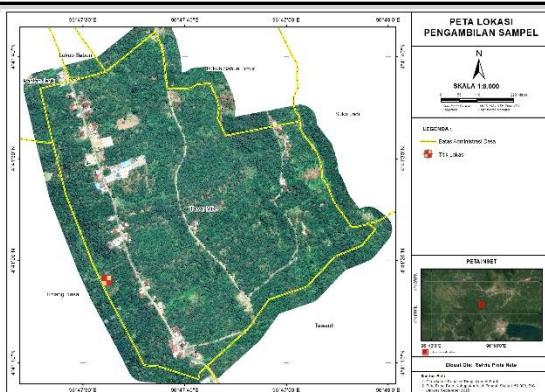
Sampai saat ini belum terdapat kajian yang meneliti mengenai komunitas mikroba pada rizosfer kopi Arabika di Indonesia, terutama di wilayah Aceh Tengah. Padahal, kondisi edafik dan iklim dataran tinggi di kawasan ini memiliki karakteristik unik yang berpotensi membentuk komunitas mikrobiota khas. Oleh karena itu, kajian berbasis metabarcoding terhadap komunitas mikroba rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko sangat penting untuk mengungkap struktur komunitas mikroba lokal, potensi taksa fungsionalnya, serta kaitannya dengan parameter lingkungan.

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis struktur dan komposisi komunitas mikroba pada rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko, Kecamatan Kute Panang, Kabupaten Aceh Tengah. Analisis dilakukan menggunakan pendekatan metabarcoding dengan penanda gen 16S rRNA. Hasil penelitian diharapkan dapat mengidentifikasi mikroba yang berasosiasi dengan perakaran kopi Arabika, memberikan informasi dasar bagi pengelolaan lahan berkelanjutan, serta mendukung peningkatan produktivitas kopi di dataran tinggi Indonesia.

Bahan dan Metode

Lokasi dan Pengambilan Sampel Tanah

Penelitian ini dilaksanakan di lahan perkebunan kopi Arabika (*Coffea arabica* L.) yang berlokasi di Desa Tawar Miko, Kecamatan Kute Panang, Kabupaten Aceh Tengah, Provinsi Aceh. Daerah ini terletak pada ketinggian ± 1.300 mdpl dengan tanah vulkanik dan iklim sejuk khas dataran tinggi Takengon. Parameter pH dan kelembapan tanah diukur terlebih dahulu menggunakan Soil pH merek (Takemura Electric Works Ltd) untuk mengetahui kondisi tanah di lapangan. Selanjutnya, sampel tanah rizosfer diambil dari zona perakaran tanaman kopi Arabika secara *purposive sampling* pada kedalaman 0–20 cm menggunakan *soil auger* dan *trowel* steril. Sekitar ± 700 g tanah dimasukkan ke dalam botol sampel dan disimpan dalam *cool box* berisi es selama transportasi. Koordinat GPS tiap titik pengambilan juga dicatat untuk dokumentasi.



Gambar 1. Lokasi Titik Pengambilan Sampel tanah rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko, Aceh Tengah

Sampel sebanyak 200 gr digunakan untuk analisis fisikokimia tanah di Laboratorium Tanah dan Tanaman Fakultas Pertanian Universitas Syiah Kuala, untuk menganalisis Kandungan C-organik dianalisis menggunakan metode *Walkley-Black* (Sparks *et al.*, 2020). Pengecekan N-total ditentukan dengan metode *Kjeldahl* (Brady & Weil, 2021). Serta Rasio C/N dihitung berdasarkan perbandingan kedua nilai tersebut. Nilai-nilai ini digunakan untuk menilai tingkat kesuburan dan keseimbangan nutrisi tanah yang berpengaruh terhadap aktivitas mikroba, dan sebagian lainnya untuk ekstraksi DNA mikroba. Sampel selanjutnya dikirim seberat 500 gr ke *Integrated Genome Factory* (IGF), Yogyakarta untuk proses sekuensing dan analisis bioinformatika.

Ekstraksi DNA Mikroba Tanah

Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan ZymoBIOMICSTM DNA Miniprep Kit (Zymo Research) dengan modifikasi sesuai protokol IGF. Sebanyak 100–200 mg tanah digunakan sebagai input. Proses bead beating dilakukan selama 3 menit dengan jeda pendinginan 30 detik di atas es setiap 1 menit untuk mencegah denaturasi DNA. Proses lisis dilakukan dua kali, dan hasilnya digabung dalam kolom Zymo-Spin™ IICR agar efisiensi ekstraksi meningkat. DNA yang diperoleh dimurnikan hingga volume akhir sekitar 50 μ L, lalu diukur konsentrasi menggunakan Qubit Fluorometer (Equalbit 1 \times dsDNA HS Assay Kit). Hasil pengukuran menunjukkan konsentrasi DNA sebesar 18,9 ng/ μ L, dinyatakan lulus uji kualitas (PASSED) dan layak digunakan untuk proses amplifikasi gen 16S rRNA.

Amplifikasi DNA (PCR)

Fragmen gen 16S rRNA full-length (~1500 bp) diamplifikasi menggunakan KOD One PCR Master Mix (TOYOBO) dengan sistem Thermocycler Module GEN2 – The Opentrons Flex. Volume total reaksi disesuaikan menjadi setengah dari standar, terdiri atas 6 μ L DNA template, 5,5 μ L air bebas nuklease, 12,5 μ L master mix, 0,5 μ L primer forward (AGRGTYYGATYMTGGCTCAG), dan 0,5 μ L primer reverse (RGYTACCTTGTACGACTT). Kondisi PCR diatur dengan tahapan berikut: pre-denaturasi 95°C selama 2 menit, diikuti 35 siklus terdiri atas denaturasi 95°C selama 30 detik, annealing 51°C selama 30 detik, dan ekstensi 72°C selama 1,5 menit, serta diakhiri dengan post-ekstensi 72°C selama 5 menit. Amplifikasi dilakukan tiga kali ulangan (triplo) untuk menjamin reproduksibilitas hasil.

Produk PCR kemudian diverifikasi melalui elektroforesis gel agarosa 1% (1 \times TBE) dengan penambahan Smobio Nucleic Acid Gel Stain (0,01% v/v). Elektroforesis dijalankan pada 100 V selama \pm 30 menit, menghasilkan pita DNA berukuran \pm 1500 bp yang menandakan amplifikasi berhasil. Kuantifikasi ulang hasil PCR dilakukan dengan Qubit Fluorometer, menunjukkan konsentrasi DNA amplicon sebesar 32,8 ng/ μ L (PASSED), memenuhi syarat untuk proses sekuensing.

Pembuatan Library, Sekuensing, dan Analisis Bioinformatika

Proses pembuatan library dan sekuensing dilakukan di Integrated Genome Factory (IGF), Yogyakarta, menggunakan platform Oxford Nanopore PromethION dengan pendekatan amplicon sequencing berbasis gen 16S rRNA. Library disiapkan mengikuti protokol Native Barcoding Kit SQK-NBD114.24 (Oxford Nanopore Technologies) dengan beberapa penyesuaian. Sebanyak 190 ng DNA (\pm 200 fmol, fragmen 1500 bp) dalam 12,5 μ L air bebas nuklease digunakan sebagai input. Tahap end-prep diinkubasi pada 20°C selama 30 menit dan 65°C selama 5 menit, tanpa tahap pemurnian tambahan. Ligasibarcode dilakukan menggunakan native 96-barcode kit, diinkubasi 37°C selama 20 menit, dan dicuci dengan etanol 80% sebelum tahap sekuensing.

Sekuensing dijalankan satu kali dengan sistem Dorado Basecall Server v7.9.8 menggunakan model dna_r10.4.1_e8.2_400bps_sup@v5.0.0, dengan minimum Q-score 10 serta pemangkasan adaptor dan barcode otomatis. Evaluasi kualitas hasil dilakukan menggunakan NanoPlot (De Coster & Rademakers, 2023) untuk menilai panjang bacaan, nilai Q, dan distribusi kualitas data. Analisis taksonomi dan keanekaragaman mikroba dilakukan menggunakan EPI2ME workflow (wf-16S v1.4.0) yang mengimplementasikan algoritma Kraken2 (Wood, Lu, & Langmead, 2019) dengan basis data ncbi_16s_18s_28s_ITS. Basis data tersebut mencakup berbagai penanda gen mikroba, namun dalam penelitian ini hanya sekuen gen 16S rRNA yang dianalisis. Data hasil sekuening difilter pada panjang 1300–1600 bp untuk menargetkan fragmen gen 16S secara spesifik.

Hasil analisis disajikan dalam tabel kelimpahan taksonomi, bar plot, sunburst plot, indeks keanekaragaman (Shannon dan Simpson), serta kurva rarefaksi. Visualisasi tambahan dilakukan menggunakan Krona chart (Ondov, Bergman, & Phillippy, 2011) untuk menggambarkan hubungan filogenetik dan proporsi relatif antar takson. Seluruh tahapan mulai dari ekstraksi DNA hingga analisis bioinformatika dilakukan sesuai protokol resmi IGF dan dinyatakan berhasil melewati uji kualitas (Quality Control) untuk proses sekuening berbasis Oxford Nanopore 16S rRNA.

Hasil dan Pembahasan

Karakteristik Fisikokimia Tanah Rizosfer Kopi Arabika

Hasil analisis fisikokimia tanah rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko menunjukkan kandungan C-organik sebesar 3.77%, N-total 0.42%, dan rasio C/N sebesar 8.98 (Tabel 3.1). Hasil analisis fisikokimia tanah menunjukkan bahwa pH tanah pada rizosfer kopi Arabika berada pada nilai 7.0. Berdasarkan teori kesuburan tanah, pH netral merupakan kondisi optimal bagi sebagian besar bakteri tanah karena pada rentang pH 6.5–7.5 ketersediaan unsur hara makro seperti N, P, dan K berada pada tingkat maksimum, sehingga mendukung aktivitas enzimatik mikroorganisme (Mendes et al., 2023).

Tanah dengan pH netral juga cenderung dihuni oleh bakteri heterotrof cepat tumbuh seperti Pseudomonadota (Proteobacteria) dan bakteri nitrifikasi seperti Nitrospira, yang keduanya menunjukkan aktivitas tinggi dalam siklus nitrogen. Teori mikrobiologi tanah menjelaskan bahwa bakteri lebih toleran terhadap pH netral dibandingkan fungi yang umumnya mendominasi tanah masam, sehingga sangat wajar apabila komunitas mikrobioma pada penelitian ini didominasi oleh kelompok bakteri yang sensitif terhadap perubahan pH tetapi sangat aktif pada kondisi netral.

Tabel 1. Hasil analisis fisikokimia tanah dari rizosfer kopi Arabika di Tawar Miko

| No | Parameter Tanah | Nilai |
|----|-----------------|-------|
| 1. | pH | 7.0 |
| 2. | Kelembapan (%) | 6.5 |
| 3. | C-organik (%) | 3.77 |
| 4. | N-total (%) | 0.42 |
| 5. | Rasio C/N | 8.98 |

Kelembapan tanah sebesar 6.5% menunjukkan kondisi tanah yang relatif kering. Secara teori, kelembapan merupakan faktor pembatas utama aktivitas mikrobiologi karena air berfungsi sebagai medium difusi nutrien, menjaga tekanan turgor sel, dan memungkinkan transfer material larut bagi mikroorganisme. Pada kelembapan rendah, hanya mikroorganisme tertentu yang mampu bertahan, terutama kelompok bakteri dan aktinomiset yang memiliki struktur sel lebih kuat dan toleran terhadap kekeringan (Chen et al., 2022). Kondisi ini menjelaskan mengapa genus seperti *Actinomycetota*, *Vicinamibacter*, dan *Brevitalea* muncul dalam kelimpahan cukup tinggi, karena mereka dikenal efisien dalam menguraikan bahan organik meskipun ketersediaan air terbatas. Teori mikrobioma tanah juga menyatakan bahwa wilayah dengan kelembapan rendah cenderung mendukung mikroba aerobik karena oksigen lebih tersedia, sehingga proses nitrifikasi oleh Nitrospira tetap dapat berlangsung meski kondisi tanah relatif kering.

Kandungan C-organik sebesar 3.77% termasuk kategori sedang menurut pedoman kesuburan tanah. Secara teoritis, C-organik merupakan sumber energi utama bagi mikroorganisme heterotrof; semakin tinggi nilai

C-organik, semakin besar pula aktivitas mikroba dalam menguraikan senyawa kompleks menjadi senyawa yang lebih sederhana (Rilling *et al.*, 2021). Nilai sedang seperti pada penelitian ini sudah cukup untuk mendukung keragaman mikrobioma dan menyediakan substrat bagi dekomposer seperti *Vicinamibacter*, *Brevitalea*, dan kelompok *Bacteroidota*. Kandungan C-organik juga berpengaruh terhadap struktur agregat tanah, retensi air, dan kapasitas tukar kation, yang semuanya berkaitan langsung dengan habitat mikroba. Secara teori, tanah dengan C-organik sedang cenderung memiliki aktivitas mikroba stabil, tidak terlalu rendah dan tidak terlalu berlebih.

Nilai N-total sebesar 0.42% tergolong rendah dan sesuai dengan karakter tanah perkebunan kopi yang sering mengalami pemanenan berulang. Berdasarkan teori siklus nitrogen, rendahnya nitrogen tanah akan memicu kolonisasi mikroba penambat nitrogen seperti *Bradyrhizobium* dan *Paraburkholderia*, karena mikroba ini dapat melakukan fiksasi nitrogen atmosfer menjadi bentuk yang dapat digunakan tanaman. Kondisi ini sejalan dengan hasil mikrobioma yang menunjukkan keberadaan kedua genus tersebut. Teori mikrobiologi tanah menjelaskan bahwa bakteri penambat nitrogen biasanya lebih aktif pada tanah dengan pH netral dan C-organik cukup, kondisi yang sesuai dengan lokasi penelitian ini.

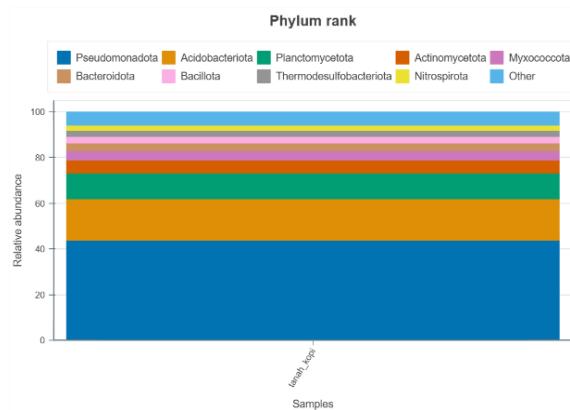
Rasio C/N sebesar 8.98 berada dalam kisaran ideal menurut teori kesuburan tanah, yakni 8–12, yang menandakan proses mineralisasi berjalan seimbang. Rasio yang terlalu tinggi (>20) menyebabkan nitrogen terikat mikroba (immobilisasi), sedangkan rasio terlalu rendah (<8) menyebabkan dekomposisi terlalu cepat sehingga kehilangan nitrogen lebih besar. Rasio 8.98 mencerminkan kondisi tanah yang mendukung pertumbuhan mikroba heterotrof cepat tumbuh dan mikroba nitrifikasi, karena mereka membutuhkan keseimbangan antara sumber energi (C) dan unsur pembentuk protein sel (N). Kondisi ini sangat sesuai dengan dominasi *Pseudomonadota*, *Actinomycetota*, dan *Nitrospira*, yang bekerja optimal dalam kondisi mineralisasi stabil (Tapaca *et al.*, 2024).

Secara keseluruhan, kombinasi nilai pH netral, kelembapan rendah, C-organik sedang, N-total rendah, dan rasio C/N ideal membentuk lingkungan rizosfer yang dapat mendukung

komunitas mikrobioma yang cukup stabil. Kondisi-kondisi ini mendukung aktivitas mikroba dekomposer, bakteri penambat nitrogen, serta mikroba nitrifikasi yang berkontribusi penting terhadap metabolisme tanah dan kesehatan tanaman kopi Arabika.

Komposisi Komunitas Mikroba Berdasarkan Filum

Hasil analisis sekruensing gen 16S rRNA menunjukkan bahwa komunitas mikroba tanah rizosfer kopi Arabika terdiri atas beberapa filum utama. Hasil analisis sekruensing gen 16S rRNA menunjukkan bahwa komunitas mikroba tanah rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko didominasi oleh filum *Pseudomonadota* (43.77%), diikuti oleh *Acidobacteriota* (18.17%), *Planctomycetota* (11.23%), *Actinomycetota* (5.81%), *Myxococcota* (4.08%), *Bacteroidota* (3.35%), *Bacillota* (2.86%), *Thermodesulfobacteriota* (2.69%), *Nitrospirota* (2.26%), dan kelompok lainnya sebesar 5.77% (Gambar 2).



Gambar 2. Komposisi mikrobioma rizosfer kopi Arabika berdasarkan tingkat filum yang diperoleh melalui analisis metabarcoding gen 16S rRNA.

Sumber: Hasil analisis EPI2ME IGF (2025).

Filum *Pseudomonadota* merupakan kelompok bakteri dominan yang memiliki kemampuan metabolismik luas, berperan dalam fiksasi nitrogen, degradasi senyawa organik kompleks, dan pelarutan fosfat, sehingga penting dalam kesuburan tanah rizosfer kopi. Filum *Acidobacteriota* banyak ditemukan pada tanah berkandungan bahan organik sedang dan berperan dalam siklus karbon serta adaptif terhadap pH sedikit asam. *Planctomycetota* berfungsi dalam proses anammox (anaerobic

ammonium oxidation) dan degradasi senyawa aromatik, sementara Actinomycetota dikenal sebagai penghasil antibiotik alami dan enzim lignoselulolitik.

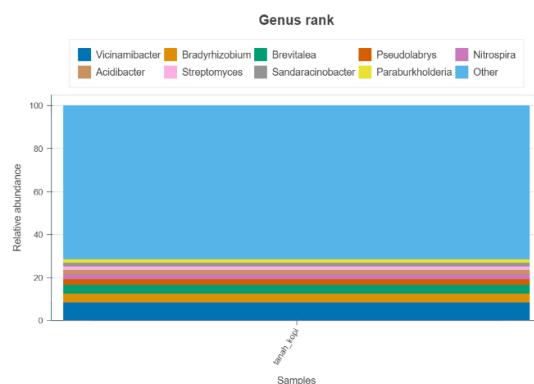
Selain itu, Myxococcota merupakan predator mikroba lain yang menghasilkan metabolit sekunder, Bacteroidota berperan dalam dekomposisi senyawa polimer, Bacillota sebagai pembentuk spora dan agen biokontrol, Thermodesulfobacteriota terlibat dalam reduksi sulfur, dan Nitrospirota merupakan bakteri nitrifikasi yang mengubah nitrit menjadi nitrat. Kombinasi kesepuluh filum ini menunjukkan bahwa komunitas mikroba rizosfer kopi Arabika terdiri atas mikroba fungsional yang saling melengkapi, mendukung keseimbangan biogeokimia tanah dan pertumbuhan akar tanaman kopi di dataran tinggi Takengon.

Komposisi Mikroba Berdasarkan Genus

Analisis komposisi taksonomi mikroba pada tingkat genus menunjukkan bahwa komunitas rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko didominasi oleh beberapa filum utama dengan proporsi yang bervariasi. Analisis taksonomi pada tingkat genus menunjukkan dominansi oleh *Vicinamibacter* (8.61%), *Bradyrhizobium* (4.14%), *Brevitalea* (4.03%), *Pseudolabrys* (2.64%), *Nitrospira* (2.26%), *Acidibacter* (1.97%), *Streptomyces* (1.76%), *Sandaracinobacter* (1.70%), dan *Paraburkholderia* (1.57%), sedangkan genus lain mencapai 73.32% (Gambar 3.2). *Vicinamibacter* berperan dalam dekomposisi bahan organik dan penguraian lignoselulosa yang memperkaya karbon tanah. *Bradyrhizobium* dan *Paraburkholderia* merupakan bakteri penambat nitrogen (PGPR) yang membantu ketersediaan unsur N dan meningkatkan pertumbuhan akar.

Brevitalea dan *Acidibacter* berfungsi sebagai mikroba pelarut fosfat dan pengatur pH tanah, sedangkan *Pseudolabrys* memiliki kemampuan mendegradasi senyawa aromatik dari bahan organik kompleks. *Nitrospira* adalah bakteri nitrifikasi obligat, *Streptomyces* dikenal menghasilkan senyawa antibiotik alami yang menekan patogen akar, dan *Sandaracinobacter* merupakan fotoheterotrof tanah yang mendukung keseimbangan karbon. Keberagaman genus tersebut menunjukkan struktur komunitas mikroba yang kompleks, multifungsional, dan stabil, di mana setiap genus

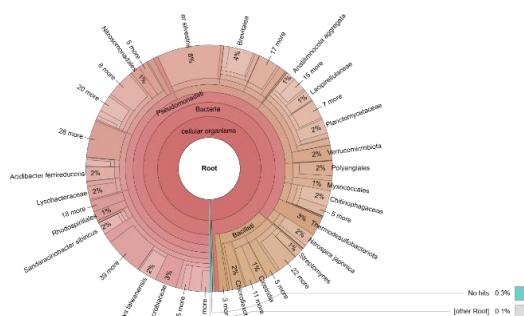
berperan penting dalam mempertahankan kesehatan dan kesuburan tanah.



Gambar 3. Komposisi mikrobiota rizosfer kopi Arabika berdasarkan tingkat genus yang diperoleh melalui analisis metabarcoding gen 16S rRNA

Kelimpahan Spesies pada Rizosfer

Hasil visualisasi Krona, spesies yang paling melimpah pada tanah rizosfer kopi Arabika adalah *Bradyrhizobium* sp., diikuti oleh *Vicinamibacter* sp., *Brevitalea* sp., dan *Nitrospira* sp. Kelompok dengan kelimpahan sedang mencakup *Paraburkholderia* sp., *Pseudolabrys* sp., dan *Acidibacter* sp., sedangkan spesies dengan kelimpahan rendah (<3%) antara lain *Streptomyces* sp. dan *Sandaracinobacter* sp. Spesies *Bradyrhizobium* sp. memiliki peran utama sebagai penambat nitrogen simbiotik, memperkaya hara tanah, dan menstimulasi pertumbuhan akar tanaman kopi.



Gambar 4. Komposisi taksonomi mikrobioma rizosfer kopi Arabika (*Coffea arabica* L.) berdasarkan hasil analisis metabarcoding gen 16S rRNA yang divisualisasikan dalam bentuk diagram

Vicinamibacter sp. dan *Brevitalea* sp. berkontribusi dalam degradasi bahan organik kompleks serta memperbaiki struktur tanah, sedangkan *Nitrospira* sp. berperan dalam oksidasi nitrit menjadi nitrat sebagai bagian

penting dari siklus nitrogen. *Paraburkholderia* sp. dan *Pseudolabrys* sp. berperan dalam degradasi hidrokarbon dan metabolisme aromatik, sedangkan *Streptomyces* sp. menjadi agen biokontrol alami yang menekan pertumbuhan jamur patogen di sekitar akar kopi. Distribusi yang relatif merata antarspesies ini menunjukkan komunitas yang tidak didominasi oleh satu takson tunggal, melainkan terdiri atas mikroba dengan fungsi ekologis saling melengkapi dalam menjaga keseimbangan tanah rizosfer.

Nilai Indeks Keanekaragaman Mikroba pada Rizosfer

Tingkat keanekaragaman komunitas mikroba pada rizosfer kopi diukur menggunakan tiga parameter utama. Hasil analisis indeks keanekaragaman menunjukkan bahwa komunitas mikroba pada tanah rizosfer kopi Arabika memiliki nilai Shannon diversity index ($H' = 5.85$), Simpson's index ($D = 0.99$), dan Inverse Simpson's index ($1/D = 1.01$) (Tabel 3.2). Nilai-nilai tersebut mencerminkan komunitas mikroba yang sangat beragam, merata, serta stabil secara ekologis.

Tabel 2. Indeks Keanekaragaman Mikroba Tanah Rizosfer Kopi Arabika

| No | Indeks Keanekaragaman | Nilai |
|----|-----------------------------------|-------|
| 1 | Shannon diversity index (H') | 5.85 |
| 2 | Simpson's index (D) | 0.99 |
| 3 | Inverse Simpson's index ($1/D$) | 1.01 |

Nilai Shannon ($H' = 5.85$) yang sangat tinggi menunjukkan keanekaragaman spesies yang luas dan distribusi individu yang relatif seimbang antar takson. Pada tingkat spesies, kontribusi terbesar terhadap nilai Shannon berasal dari kelompok *Bradyrhizobium* sp., *Vicinamibacter* sp., dan *Brevitalea* sp. Ketiga spesies ini memiliki kelimpahan relatif tinggi dan fungsi ekologis berbeda yakni penambatan nitrogen (*Bradyrhizobium* sp.), degradasi bahan organik (*Vicinamibacter* sp.), serta pelarutan fosfat (*Brevitalea* sp.) sehingga memperkuat kompleksitas struktur komunitas. Menurut Chaudhary *et al.* (2022), tingginya nilai Shannon di tingkat spesies menandakan bahwa hampir tidak ada dominasi tunggal dan bahwa komunitas memiliki banyak spesies fungsional yang berkontribusi terhadap stabilitas tanah.

Berdasarkan tingkat genus, keanekaragaman juga tinggi dengan dominansi genus *Vicinamibacter* (8.61%), *Bradyrhizobium* (4.14%), dan *Brevitalea* (4.03%). Persebaran yang merata di antara genus-genus utama ini turut meningkatkan nilai Shannon karena masing-masing memiliki peran ekologis berbeda, namun saling melengkapi. Genus minor seperti *Streptomyces* dan *Sandaracinobacter* juga memberi kontribusi signifikan terhadap keragaman fungsional meski kelimpahannya rendah, menunjukkan adanya redundansi fungsional di tingkat komunitas.

Berdasarkan tingkat filum, nilai Shannon menggambarkan dominansi moderat oleh *Pseudomonadota* (43.77%), diikuti *Acidobacteriota* (18.17%) dan *Planctomycetota* (11.23%). Dominansi ini masih tergolong seimbang karena perbedaan proporsi antarfilum tidak terlalu ekstrem. Keberagaman pada tingkat filum mencerminkan diferensiasi fungsi besar seperti siklus nitrogen (*Pseudomonadota* dan *Nitrospirota*), degradasi karbon (*Actinomycetota* dan *Bacteroidota*), serta adaptasi lingkungan (*Acidobacteriota*).

Nilai indeks Simpson ($D = 0.99$) yang rendah mengindikasikan bahwa tidak terdapat satu spesies yang secara dominan mendominasi komunitas, sehingga kemungkinan menemukan dua individu yang berasal dari spesies yang sama dalam satu komunitas sangat kecil. Nilai ini terutama dipengaruhi oleh distribusi merata antarspesies dominan seperti *Bradyrhizobium* sp., *Vicinamibacter* sp., dan *Nitrospira* sp. Komunitas dengan nilai Simpson rendah umumnya memiliki keseimbangan ekologis tinggi karena setiap spesies menjalankan peran spesifik dalam siklus biogeokimia tanpa menekan keberadaan spesies lain (Zhou *et al.*, 2023).

Nilai Inverse Simpson ($1/D = 1.01$) mengindikasikan bahwa komunitas mikroba bersifat resilien dan memiliki redundansi fungsi ekologi yang kuat. Pada tingkat spesies, hal ini ditunjukkan oleh keberadaan kelompok minor seperti *Streptomyces* sp. dan *Sandaracinobacter* sp., yang meskipun kelimpahannya rendah, tetap berperan penting dalam biokontrol dan keseimbangan energi tanah. Nilai ini memperlihatkan bahwa jika salah satu spesies dominan berkurang akibat perubahan lingkungan, maka fungsi ekologisnya dapat

digantikan oleh spesies lain yang memiliki peran serupa.

Berdasarkan teori keanekaragaman mikroba tanah (Santoyo *et al.*, 2021; Chaudhary *et al.*, 2022), kombinasi nilai Shannon tinggi, Simpson rendah, dan Inverse mendekati 1 menandakan bahwa komunitas mikroba rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko memiliki kompleksitas taksonomi tinggi pada tingkat spesies dan genus, dengan dominansi filum *Pseudomonadota* yang fungsional dan stabil. Struktur komunitas seperti ini menjadi indikator ekosistem tanah yang sehat, produktif, serta mendukung keberlanjutan pertumbuhan tanaman kopi Arabika di dataran tinggi Aceh Tengah.

Pembahasan

Analisis Fisikokimia Rizosfer Kopi Arabika *Coffea arabica* L dan Struktur Mikrobioma

Karakteristik fisikokimia tanah merupakan faktor kunci yang menentukan komposisi dan dinamika komunitas mikroba di rizosfer. Nilai pH netral (7.0) pada lokasi penelitian merupakan kondisi optimal bagi sebagian besar bakteri tanah, khususnya kelompok heterotrof dan nitrifikasi. Mendes *et al.* (2023) menjelaskan bahwa pH netral meningkatkan ketersediaan unsur hara makro, termasuk nitrogen, fosfor, dan kalium, sehingga mendukung aktivitas enzimatik dan pertumbuhan bakteri fungsional. Kondisi ini sesuai dengan dominasi *Pseudomonadota* dan kehadiran *Nitrospira* yang keduanya sangat sensitif terhadap perubahan pH dan berperan penting dalam siklus nitrogen.

Kelembapan tanah sebesar 6.5% mengindikasikan kondisi tanah yang kering. Pada kondisi demikian, aktivitas mikroba sensitif terhadap stres air akan menurun, sementara kelompok seperti *Actinomycetota*, *Vicinamibacter*, dan *Brevitalea* tetap mampu beraktivitas karena memiliki adaptasi struktural terhadap kekeringan. Chen *et al.* (2022) menyatakan bahwa bakteri dekomposer dan aktinomiset menunjukkan toleransi tinggi terhadap defisit air dan tetap dapat menguraikan substrat kompleks dalam lingkungan kering. Temuan ini menjelaskan tingginya kelimpahan genus dekomposer pada penelitian ini.

Kandungan C-organik sebesar 3.77% termasuk kategori sedang dan cukup untuk

mendukung aktivitas dekomposisi dan mineralisasi. Sparks *et al.* (2020) menegaskan bahwa C-organik merupakan sumber energi utama bagi mikroorganisme heterotrof, sehingga nilai sedang dapat mempertahankan proses dekomposisi yang stabil. Hal ini diperkuat oleh tingginya kelimpahan *Vicinamibacter* dan *Brevitalea* sebagai pengurai lignoselulosa serta *Bacteroidota* sebagai degrader polimer kompleks.

Nilai N-total (0.42%) tergolong rendah, sesuai karakter umum tanah perkebunan kopi. Kondisi ini memicu peningkatan populasi mikroba penambat nitrogen seperti *Bradyrhizobium* dan *Paraburkholderia*. Meng *et al.* (2020) menekankan bahwa bakteri ini berperan penting dalam menyediakan nitrogen bagi tanaman pada tanah dengan unsur N terbatas. Keselarasan data N-total dan dominansi bakteri penambat nitrogen pada penelitian ini menunjukkan adanya adaptasi komunitas mikroba untuk mempertahankan keseimbangan nitrogen tanah.

Rasio C/N sebesar 8.98 berada dalam kisaran ideal (8–12) dan menandakan mineralisasi berjalan seimbang. Rasio yang ideal mendukung aktivitas mikroba dekomposer dan bakteri nitrifikasi. Tapaca *et al.* (2024) melaporkan bahwa rasio C/N rendah hingga moderat mendorong dominansi mikroba heterotrof cepat tumbuh dan nitrifikasi seperti *Nitrospira*. Dengan demikian, kombinasi nilai pH, kelembapan, C-organik, N-total, dan C/N pada penelitian ini membentuk lingkungan rizosfer yang mendukung komunitas mikroba aktif dan fungsional.

Komposisi Komunitas Mikroba Berdasarkan Filum

Komunitas mikrobioma pada rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko tersusun atas sepuluh filum utama, dengan *Pseudomonadota* sebagai kelompok paling dominan. Dominansi *Pseudomonadota* (43.77%) menunjukkan bahwa rizosfer kopi di kawasan ini didukung oleh bakteri dengan fleksibilitas metabolismik tinggi. Kelompok ini dikenal memiliki kemampuan dalam degradasi bahan organik kompleks, transformasi nitrogen, pelarutan fosfat, serta produksi metabolit sekunder yang berfungsi meningkatkan pertumbuhan tanaman (Mendes *et al.*, 2023). Tingginya proporsi *Pseudomonadota*

juga mengindikasikan bahwa kondisi lingkungan terutama pH netral dan ketersediaan bahan organik sedang sangat mendukung aktivitas fisiologis mereka. Temuan ini sejalan dengan laporan Tapaca *et al.* (2024) yang menyatakan bahwa filum Pseudomonadota cenderung mendominasi rizosfer kopi pada dataran tinggi karena kemampuannya beradaptasi pada lingkungan dengan fluktuasi nutrien.

Filum Acidobacteriota (18.17%) menempati posisi kedua. Kelompok ini dikenal sebagai bakteri yang memiliki rentang toleransi luas terhadap pH dan kondisi nutrien, serta berperan penting dalam siklus karbon dan degradasi polimer tanah. Kehadiran Acidobacteriota dalam proporsi tinggi menunjukkan bahwa tanah di lokasi penelitian mendukung aktivitas bakteri yang hidup pada kondisi bahan organik menengah dan kelembapan rendah. Avelino *et al.* (2022) melaporkan bahwa Acidobacteriota kerap ditemukan pada tanah perkebunan kopi yang memiliki kandungan C-organik cukup dan struktur agregat stabil—dua kondisi yang juga tampak pada lokasi penelitian ini.

Planctomycetota (11.23%) merupakan filum penting lain yang berkontribusi pada proses anammox (anaerobic ammonium oxidation) dan degradasi senyawa aromatik. Fungsi tersebut sangat relevan pada tanah rizosfer karena aktivitas akar dan dekomposisi serasah menghasilkan berbagai senyawa nitrogen dan karbon kompleks. Proporsi Planctomycetota yang cukup besar menunjukkan bahwa proses transformasi nitrogen tidak hanya dikendalikan oleh bakteri nitrifikasi klasik, tetapi juga oleh kelompok yang berperan pada jalur nitrogen alternatif. Hal ini memperkuat hipotesis bahwa tanah rizosfer kopi memiliki kompleksitas biogeokimia tinggi, yang ditandai oleh keberadaan berbagai kelompok mikroba fungsional.

Filum Actinomycetota (5.81%) dikenal sebagai penghasil enzim lignoselulolitik dan senyawa antimikroba alami. Kehadiran mereka mencerminkan adanya aktivitas dekomposisi bahan organik yang aktif serta mekanisme alami pengendalian patogen di dalam rizosfer. Rani *et al.* (2023) menyebutkan bahwa Actinomycetota memiliki peran penting dalam menjaga kesehatan tanaman melalui produksi antibiotik dan pelarutan fosfat. Nilai 5.81% yang

ditemukan pada penelitian ini sejalan dengan peran ekologis tersebut dan menunjukkan kontribusi Actinomycetota terhadap fungsi imunologis rizosfer.

Meskipun Myxococcota (4.08%), Bacteroidota (3.35%), dan Bacillota (2.86%) tampil dalam proporsi lebih rendah dibanding filum utama lainnya, ketiga kelompok ini tetap memiliki peran penting dalam dinamika komunitas. Myxococcota dikenal sebagai predator mikroba yang mengatur keseimbangan komunitas dengan memangsa bakteri lain. Bacteroidota berfungsi sebagai pengurai polimer seperti polisakarida dan lignin, sedangkan Bacillota memiliki kemampuan membentuk spora dan bertindak sebagai agen biokontrol serta menyediakan enzim pengurai serasah. Keberadaan ketiga filum ini menunjukkan bahwa komunitas mikroba rizosfer memiliki redundansi fungsional, di mana fungsi ekologis tertentu dapat dijalankan oleh beberapa kelompok berbeda.

Thermodesulfobacteriota (2.69%) dan Nitrospirota (2.26%) juga memiliki peran signifikan. Thermodesulfobacteriota terlibat dalam proses reduksi sulfur, yang berperan dalam stabilitas struktur tanah dan transformasi mineral. Sementara itu, Nitrospirota adalah bakteri nitrifikasi obligat yang mengoksidasi nitrit menjadi nitrat. Kehadiran Nitrospirota merupakan indikator penting bahwa tanah memiliki aktivitas nitrifikasi tinggi, yang relevan dengan kondisi pH netral dan rasio C/N ideal di lokasi penelitian. Zhou *et al.* (2023) melaporkan bahwa Nitrospirota cenderung aktif pada tanah dengan keseimbangan karbon–nitrogen stabil, sehingga keberadaannya pada penelitian ini mendukung data fisikokimia tanah yang diperoleh.

Secara keseluruhan, komposisi filum mikroba pada rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko memperlihatkan bahwa tanah di kawasan ini memiliki komunitas yang beragam, fungsional, dan saling melengkapi. Dominansi Pseudomonadota dan keberadaan filum lain yang terkait dengan dekomposisi, transformasi nitrogen, pengendalian patogen, serta metabolisme sulfur menunjukkan bahwa ekosistem rizosfer kopi di dataran tinggi Aceh Tengah memiliki potensi ekologis tinggi. Struktur komunitas semacam ini mendukung keseimbangan biogeokimia tanah dan

berkontribusi langsung pada kesehatan akar serta produktivitas tanaman kopi Arabika.

Komposisi Mikroba Berdasarkan Genus

Komposisi mikrobioma pada tingkat genus menunjukkan struktur komunitas yang kompleks, stabil, dan fungsional dalam mendukung dinamika biogeokimia tanah di rizosfer kopi Arabika. Genus yang mendominasi adalah *Vicinamibacter* (8.61%), *Bradyrhizobium* (4.14%), dan *Brevitalea* (4.03%), yang masing-masing memiliki kontribusi ekologis penting dan saling melengkapi dalam mempertahankan kualitas tanah. *Vicinamibacter* merupakan genus dari kelompok Acidobacteriota yang dikenal memiliki kemampuan mendegradasi lignoselulosa dan senyawa aromatik kompleks di tanah, sehingga berperan dalam meningkatkan cadangan karbon tanah. Menurut Avelino *et al.* (2022), kelompok ini sangat adaptif pada tanah dengan kandungan bahan organik sedang hingga tinggi, serta mampu mempertahankan aktivitasnya meskipun terjadi fluktuasi kelembapan tanah. Kondisi lingkungan pada lokasi penelitian, khususnya nilai C-organik yang sedang, mendukung kelimpahan *Vicinamibacter* sebagai penggerak utama siklus karbon di rizosfer kopi.

Genus *Bradyrhizobium* dan *Paraburkholderia* merupakan bakteri penambat nitrogen yang ditemukan dalam proporsi signifikan. Keduanya memiliki peran penting dalam menyediakan nitrogen bagi tanaman, terutama pada tanah dengan kandungan N relatif rendah seperti pada penelitian ini (N-total 0.42%). Temuan ini konsisten dengan laporan Meng *et al.* (2020), yang menjelaskan bahwa *Bradyrhizobium* cenderung meningkat populasinya pada tanah netral hingga sedikit asam dan menjadi penyedia utama nitrogen melalui fiksasi biologis. Keberadaan *Paraburkholderia* juga memperkuat fungsi fiksasi nitrogen di dalam komunitas, serta memberikan manfaat tambahan dalam meningkatkan pertumbuhan akar melalui mekanisme PGPR (Plant Growth-Promoting Rhizobacteria).

Brevitalea merupakan genus dari Acidobacteriota yang banyak ditemukan pada tanah tropis dan dikenal efisien dalam pelarutan fosfat serta transformasi senyawa organik kompleks. Studi Mena *et al.* (2022)

menunjukkan bahwa *Brevitalea* biasanya mendominasi tanah dengan C/N yang seimbang karena kemampuan metabolismenya yang fleksibel. Kondisi rasio C/N sebesar 8.98 pada lokasi penelitian mendukung kolonisasi genus ini, sehingga proses mineralisasi dan ketersediaan fosfat bagi tanaman tetap stabil.

Genus lain seperti *Pseudolabrys*, *Acidibacter*, *Streptomyces*, *Nitrospira*, dan *Sandaracinobacter* juga ditemukan meskipun dalam persentase yang lebih kecil. *Nitrospira* merupakan bakteri nitrifikasi yang berperan dalam mengoksidasi nitrit menjadi nitrat. Kehadiran *Nitrospira* sangat relevan dengan kandungan nitrogen tanah yang rendah karena nitrifikasi merupakan langkah penting dalam penyediaan N yang tersedia bagi tanaman — sebuah pola yang juga dilaporkan oleh Chaudhary *et al.* (2022) dalam studi komunitas rizosfer di tanah perkebunan.

Kelompok minor seperti *Streptomyces* memiliki peran penting sebagai agen biokontrol alami. Rani *et al.* (2023) menjelaskan bahwa *Streptomyces* menghasilkan beragam metabolit antimikroba yang mampu menekan patogen tular tanah. Meskipun kelimpahannya rendah, kontribusi ekologisnya besar dalam menjaga kesehatan akar tanaman kopi. Sementara itu, *Sandaracinobacter* berfungsi sebagai fotoheterotrof tanah yang mendukung keseimbangan energi pada lapisan rizosfer.

Secara umum, pola komposisi genus yang ditemukan menunjukkan bahwa komunitas mikroba di rizosfer kopi Arabika tidak hanya beragam tetapi juga memiliki mekanisme fungsional yang saling melengkapi — mulai dari penambatan nitrogen, dekomposisi bahan organik, pelarutan fosfat, hingga aktivitas biokontrol. Keberadaan genus dengan fungsi berbeda namun saling berinteraksi ini membentuk ekosistem rizosfer yang resilien serta mendukung pertumbuhan tanaman kopi secara berkelanjutan.

Kelimpahan Spesies pada Rizosfer

Distribusi kelimpahan spesies pada rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko memperlihatkan bahwa komunitas mikroba disusun oleh beberapa spesies kunci yang menjalankan fungsi ekologis berbeda namun saling melengkapi. Spesies *Bradyrhizobium* sp. muncul sebagai takson paling melimpah,

menunjukkan bahwa proses fiksasi nitrogen merupakan salah satu mekanisme dominan dalam ekosistem rizosfer kopi. Temuan ini sesuai dengan laporan Santoyo *et al.* (2021) yang menyatakan bahwa *Bradyrhizobium* umumnya mendominasi rizosfer tanaman di tanah dengan kadar nitrogen rendah, karena bakteri ini menyediakan nitrogen dalam bentuk amonia yang dapat dimanfaatkan tanaman.

Kelimpahan *Vicinamibacter* *sp.* dan *Brevitalea* *sp.* menunjukkan tingginya aktivitas dekomposisi bahan organik di rizosfer. Kedua spesies ini dilaporkan memiliki kemampuan mendegradasi senyawa lignoselulosa dan polimer kompleks, sehingga menghasilkan sumber karbon sederhana yang dapat digunakan oleh mikroba lain maupun akar tanaman (Avelino *et al.*, 2022). Keberadaan mereka dalam persentase tinggi mengindikasikan bahwa proses daur ulang karbon berjalan optimal pada lokasi penelitian.

Spesies *Nitrospira* *sp.*, meskipun tidak mendominasi secara ekstrem, memainkan peran kritis dalam nitrifikasi melalui oksidasi nitrit menjadi nitrat. Proses ini secara langsung meningkatkan ketersediaan nitrogen bagi tanaman kopi, terutama pada tanah dengan rasio C/N ideal seperti lokasi penelitian ini. Menurut Zhou *et al.* (2023), keberadaan *Nitrospira* dalam komunitas rizosfer merupakan indikator tingginya aktivitas nitrogen cycling dan stabilitas fungsi nitrifikasi.

Spesies lain seperti *Paraburkholderia* *sp.* dan *Pseudolabrys* *sp.* berperan dalam degradasi senyawa aromatik dan metabolisme hidrokarbon, berkontribusi terhadap detoksifikasi lingkungan tanah. Kelompok minor seperti *Streptomyces* *sp.* dan *Sandaracinobacter* *sp.*, meskipun kelimpahannya rendah, memberikan kontribusi penting sebagai penghasil metabolit sekunder dan agen biokontrol alami yang dapat menekan mikroorganisme patogen di sekitar akar. Keberadaan mereka menunjukkan adanya redundansi fungsi ekologi yang membantu menjaga stabilitas komunitas mikroba ketika terjadi perubahan lingkungan (Chaudhary *et al.*, 2022).

Distribusi kelimpahan yang relatif merata di antara spesies menunjukkan bahwa komunitas tidak didominasi oleh satu spesies tunggal, melainkan terdiri atas kelompok mikroba fungsional yang saling bergantung. Struktur

komunitas seperti ini menggambarkan ekosistem rizosfer yang resilien, memiliki kapasitas adaptasi tinggi, dan mampu mempertahankan fungsi ekologis utama meskipun menghadapi fluktuasi lingkungan. Secara keseluruhan, pola kelimpahan spesies pada penelitian ini menegaskan bahwa rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko memiliki komunitas mikroba yang aktif, stabil, serta mendukung produktivitas tanaman secara berkelanjutan.

Nilai Indeks Keanekaragaman Mikroba pada Rizosfer

Nilai indeks keanekaragaman menunjukkan bahwa komunitas mikroba pada rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko memiliki struktur komunitas yang kompleks, stabil, dan menunjukkan pola distribusi spesies yang merata. Nilai Shannon yang tinggi mengindikasikan bahwa jumlah spesies yang teridentifikasi sangat beragam serta tidak adanya dominasi tunggal oleh takson tertentu. Keanekaragaman yang tinggi pada nilai Shannon juga menggambarkan bahwa komunitas mikroba mencakup beragam fungsi ekologis, seperti dekomposisi bahan organik, siklus nitrogen, serta pelarutan mineral yang mendukung produktivitas tanah. Temuan ini sejalan dengan laporan Chaudhary *et al.* (2022) yang menyatakan bahwa komunitas mikroba dengan nilai Shannon tinggi cenderung memiliki stabilitas ekologi yang kuat karena banyak spesies berkontribusi terhadap fungsi tanah yang berbeda.

Nilai Simpson yang rendah menunjukkan bahwa peluang ditemukannya dua individu dari spesies yang sama secara acak dalam komunitas relatif kecil. Distribusi tersebut menandakan bahwa tidak ada satu spesies pun yang mendominasi secara berlebihan, sehingga struktur komunitas bersifat seimbang. Keadaan ini umumnya terjadi pada tanah subur yang kaya bahan organik dan memiliki banyak relung ekologis yang dapat dihuni oleh berbagai jenis mikroorganisme. Menurut Zhou *et al.* (2023), nilai Simpson yang rendah mengindikasikan tingginya tingkat pemerataan antarspesies dan rendahnya tekanan kompetitif, sehingga keberadaan spesies minor tetap terjaga dalam komunitas.

Nilai Inverse Simpson yang mendekati 1 mencerminkan tingginya redundansi fungsional dalam komunitas tersebut. Redundansi

fungsional berarti bahwa beberapa spesies memiliki fungsi ekologis serupa sehingga apabila satu spesies mengalami penurunan populasi, fungsinya dapat digantikan oleh spesies lain. Hal ini membuat komunitas mikroba lebih resilien terhadap perubahan lingkungan, seperti variasi kelembapan, perubahan pH, atau fluktuasi ketersediaan nutrien. Santoyo *et al.* (2021) menekankan bahwa nilai Inverse Simpson yang tinggi merupakan indikator penting bagi stabilitas jangka panjang komunitas mikroba tanah, terutama pada ekosistem pertanian yang intensif seperti perkebunan kopi.

Secara keseluruhan, kombinasi nilai Shannon yang tinggi, Simpson yang rendah, dan Inverse Simpson yang mendekati 1 menunjukkan bahwa komunitas mikroba rizosfer kopi Arabika di Desa Tawar Miko tersusun oleh spesies yang beragam dengan tingkat dominansi yang rendah serta fungsi ekologis yang saling melengkapi. Struktur komunitas seperti ini menjadi ciri khas tanah yang sehat dan mendukung produktivitas tanaman, terutama pada agroekosistem dataran tinggi. Keanekaragaman tersebut juga mencerminkan kualitas tanah yang dipengaruhi oleh faktor edafik lokal, seperti kandungan C-organik, nitrogen, dan rasio C/N, yang secara umum mampu menyediakan kondisi optimal bagi keberlanjutan mikrobioma tanah.

Kesimpulan

Komunitas mikroba yang terdeteksi didominasi oleh filum Pseudomonadota, Actinomycetota, dan Acidobacteriota, dengan genus utama *Bradyrhizobium*, *Paraburkholderia*, *Streptomyces*, *Vicinamibacter*, dan *Nitrospira*. Nilai indeks keragaman Shannon (5,85) dan Simpson (0,99) mengindikasikan bahwa komunitas mikroba rizosfer kopi bersifat beragam, seimbang, dan stabil secara ekologis. Dominasi kelompok mikroba fungsional seperti penambat nitrogen, penghasil metabolit sekunder, dan degrader bahan organik menunjukkan bahwa mikrobioma tanah berperan aktif dalam mendukung kesuburan tanah dan kesehatan tanaman kopi Arabika. Secara keseluruhan, hasil ini menegaskan bahwa keragaman dan keseimbangan komunitas mikroba di rizosfer kopi merupakan salah satu faktor utama yang mendukung keberlanjutan

ekosistem pertanian di kawasan dataran tinggi Aceh Tengah.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Ar-Raniry, serta Laboratorium Integrated Genome Factory (IGF), Yogyakarta atas bantuan dalam proses sekuisensi. Kami juga menghargai dukungan rekan-rekan dan pihak lain yang membantu kelancaran penelitian ini.

Referensi

Andrade, P. H. M., Oliveira, R., Santos, L. M., Pereira, A. C., Carvalho, J., & Nascimento, T. (2023). 16S metabarcoding analysis reveals the influence of environmental factors on rhizospheric microbiota of *Coffea arabica* in Brazil. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 58, e03345. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab.2023.03345>

Avelino, J., Barboza, B., Fonseca, A., Ramirez, C. A., Jimenez, J., Hidalgo, J., Soto, G., Coto, J., Monge, A., & Pereira, A. (2022). The rhizosphere microbiomes of five species of coffee trees. *Microbiology Spectrum*, 10(5), e00444-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00444-22>

Avelino, T., Mendes, L. W., & Tsai, S. M. (2022). Acidobacteria community composition and ecological function in agricultural soils. *Applied Soil Ecology*, 175, 104450. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2022.104450>

Brady, N. C., & Weil, R. R. (2021). *The nature and properties of soils* (16th ed.). Pearson.

Bultergahn, V. B., Menezes, K. M. S., Veloso, T. G. R., Santos, T. T., Paiva, C. A. V., & Gomes, E. A. (2024). Diversity of potential nitrogen-fixing bacteria from rhizosphere of *Coffea arabica* L. and *Coffea canephora* L. *3 Biotech*, 14, 27. <https://doi.org/10.1007/s13205-023-03785-y>

Chaudhary, D. R., Sharma, S., & Tripathi, K. (2022). Microbial diversity and its ecological significance in rhizosphere

soils: A metagenomic insight. *Frontiers in Microbiology*, 13, 869241. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.869241>

Chaudhary, D. K., Kim, J., & Kim, J. (2022). Microbial community dynamics in rhizosphere and their role in ecosystem functioning. *Frontiers in Microbiology*, 13, 869211. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.869211>

Chen, Q., Jiang, J., Wu, L., & Li, X. (2022). Rhizosphere microbiome diversity enhances plant tolerance to environmental stress. *Microbiome Research Reports*, 1(3), 112–124. <https://doi.org/10.1186/s43979-022-00020-y>

Chen, Y., Liu, S., & Li, X. (2022). Actinobacteria adaptation mechanisms in drought-stressed soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 165, 108537. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108537>

Fulthorpe, R., Martin, A. R., & Isaac, M. E. (2020). Root endophytes of coffee (*Coffea arabica*): Variation across climatic gradients and relationships with functional traits. *Phytobiomes Journal*, 4(1), 1–10. <https://doi.org/10.1094/PBIOMES-04-19-0021-R>

Henriquez, V. H., Ramirez, A., Lopez, N., Cardenas, C., Gonzalez, J., Torres, M., Perez, D., Morales, D., Castillo, P., & Fuentes, L. (2024). Colombian coffee plantations sustain a diverse fungal community and nurture potentially beneficial species. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 8, 1345383. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2024.1345383>

Huang, S., Deng, S., & Huang, Q. (2021). Soil pH and organic carbon properties drive soil bacterial communities along an elevational gradient. *Frontiers in Microbiology*, 12, 646124. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.646124>

Mena, M. D., Torres, R., & Pérez, M. E. (2022). Ecological roles of *Brevitalea* spp. in nutrient cycling and soil health. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 22, 1400–1412. <https://doi.org/10.1007/s42729-021-00754-1>

Meng, J., Li, Y., Zhao, C., & Chen, J. (2020). Functional diversity of *Bradyrhizobium* species and their contribution to nitrogen fixation in soils. *Environmental Microbiology*, 22(11), 4567–4583. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15152>

Ondov, B. D., Bergman, N. H., & Phillippy, A. M. (2011). Interactive metagenomic visualization in a web browser. *BMC Bioinformatics*, 12, 385. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-385>

Oxford Nanopore Technologies. (2020). *Native Barcoding Kit SQK-NBD114 protocol*. Oxford Nanopore Technologies.

Pino, A. F. S., Morales, J., Rodriguez, C., Silva, A., & Gutierrez, D. (2023). Characterization of the rhizosphere bacterial microbiome and its functional potential in *Coffea arabica*. *BMC Plant Biology*, 23, 352. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04182-2>

Rani, R., Kumar, S., & Sharma, R. (2023). Antimicrobial potential of *Streptomyces* species in soil ecosystems. *Microbial Ecology*, 86, 104–117. <https://doi.org/10.1007/s00248-022-02163-2>

Rilling, J. I., Acuna, J. J., Sadowsky, M. J., & Jorquer, M. A. (2021). Functional roles of rhizosphere microbiota in plant growth and resilience under stress conditions. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 21(2), 1230–1246. <https://doi.org/10.1007/s42729-021-00476-9>

Santoyo, G., Orozco-Mosqueda, M. D. C., & Govindappa, M. (2021). Plant growth-promoting bacteria as biological control agents of soil-borne pathogens. *Biological Control*, 158, 104602. <https://doi.org/10.1016/j.biocntrol.2021.104602>

Suharjono, Y., & Yuliatin, E. (2022). Bacteria communities of coffee plant rhizosphere and their potency as plant growth-promoting. *Biodiversitas*, 23(12), 6569–6577. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d231252>

Tapaca, I. P. E., Ramirez, M., Gonzalez, L., Smith, J., Avelino, J., Martinez, P., & Lopez, A. (2024). Irradiance level and elevation shape the soil microbiome of *Coffea arabica* L. *Environmental Microbiome*, 19(1), 35. <https://doi.org/10.1186/s40793-024-00619-9>

Wang, H., Li, X., & Zhang, J. (2022). Environmental factors shaping soil microbiome composition in agricultural ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*, 170, 108697. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2022.108697>

Wood, D. E., Lu, J., & Langmead, B. (2019). Kraken 2: Faster, more accurate metagenomic classification using a reduced database. *Genome Biology*, 20(1), 257. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>

Zhou, J., Wu, L., & Deng, Y. (2023). Environmental drivers shaping soil microbiome diversity in agroecosystems. *Applied Soil Ecology*, 182, 104702. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2022.104702>

Zymo Research. (2021). *ZymoBIOMICS DNA Miniprep Kit instruction manual*. Zymo Research Corporation.