

Assessing Fungal Diversity in a Tropical Urban River Through Environmental DNA Metagenomics

Kenia Permata Sukma^{1*}, Agus Widana¹, Sinta Depi¹, Dinah Nabila¹

¹Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Halim Sanusi, Bandung, Indonesia;

Article History

Received : December 05th, 2025

Revised : December 20th, 2025

Accepted : December 30th, 2025

*Corresponding Author: **Kenia Permata Sukma**, Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Halim Sanusi, Bandung, Indonesia; Email: kenia@uhs.ac.id

Abstract: Fungal community composition and abundance in river ecosystems are highly responsive to hydrological processes, terrestrial runoff, and anthropogenic pressures, making riverine fungi a sensitive biological indicator of water quality and overall ecological condition. This study employed Oxford Nanopore-based shotgun metagenomics to characterize fungal communities from two segments in Cikapundung River, Indonesia, differing in human impact. Water samples were vacuum-filtered, DNA was extracted and sequenced, and taxonomic profiles were generated. Results revealed that both sites were dominated by plant-associated Ascomycota, particularly several *Pyricularia* species, indicating strong terrestrial-aquatic connectivity driven by riparian plants and terrestrial plant debris entering the river. Cikapundung B site exhibited higher fungal abundance and diversity than Cikapundung A site, while Bray-Curtis PCoA showed clear compositional separation between sites, reflecting spatial ecological stress. Although a considerable proportion of reads remained unclassified due to limited fungal reference genomes, dominant taxa provided ecologically meaningful insights. These findings demonstrate that fungal environmental DNA could indicate environmental conditions in tropical urban rivers and highlight the potential and limitation of metagenomic approaches for river health monitoring and watershed management.

Keywords: Cikapundung River, environmental DNA, fungi, metagenomics, Oxford Nanopore.

Pendahuluan

Ekosistem perairan tawar di wilayah tropis merupakan sistem yang dinamis dan sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan serta aktivitas manusia. Sungai, yang merupakan bagian penting dari ekosistem ini, tidak hanya berfungsi sebagai aliran air, tetapi juga sebagai habitat bagi berbagai jenis organisme, termasuk mikroorganisme yang berperan penting dalam proses biogeokimia. Di wilayah tropis, tekanan antropogenik seperti urbanisasi, perubahan penggunaan lahan, dan pembuangan limbah rumah tangga menyebabkan perubahan signifikan pada parameter fisik, kimia, dan biologi sungai (Mao *et al.*, 2025). Perubahan ini secara langsung mempengaruhi komposisi komunitas mikroba, termasuk fungi akuatik yang

merupakan salah satu elemen penting namun belum banyak dikaji secara mendalam.

Sungai Cikapundung adalah salah satu sungai utama di Kota Bandung yang mengalir dari hulu pegunungan hingga daerah hilir yang padat penduduk. Di bagian tengah dan hilir sungai ini, terdapat tekanan ekologis akibat berbagai aktivitas manusia seperti pembuangan sampah, limbah rumah tangga, kegiatan dari rumah sakit, dan limpasan dari kawasan padat penduduk (Subiantoro *et al.*, 2025). Situasi ini menjadikan Sungai Cikapundung sebagai model sungai tropis urban yang kompleks, dengan gradien kondisi lingkungan yang berpengaruh pada keberadaan serta kelimpahan mikroorganisme.

Fungi akuatik berperan sangat penting dalam ekosistem sungai, terutama dalam proses dekomposisi bahan organik dan

penguraian serasah, serta berkontribusi pada siklus nutrisi seperti karbon dan nitrogen. Organisme ini juga dapat bertindak sebagai bioindikator bagi kesuburan perairan dan tingkat pencemaran, karena sensitif terhadap perubahan dalam kualitas air (Barros *et al.*, 2024; Siriarchawatana *et al.*, 2024). Selain itu, beberapa spesies fungi berpotensi menjadi patogen bagi manusia serta makhluk hidup lainnya, dan keberadaannya sering meningkat di ekosistem yang terkontaminasi oleh limbah rumah tangga atau medis. Namun, karakterisasi komunitas fungi akuatik masih menghadapi tantangan karena metode kultur konvensional yang tidak dapat mendeteksi sebagian besar spesies yang bersifat non-kulturabel.

Perkembangan metode molekuler, terutama penggunaan *environmental DNA* (eDNA), telah memberikan peluang baru dalam memahami komunitas mikroba di habitat alami. Pendekatan eDNA memungkinkan identifikasi organisme melalui jejak DNA tanpa perlu mengisolasi sel-sel yang hidup, sehingga lebih mewakili keragaman organisme yang sebenarnya (Banerjee *et al.*, 2022). Salah satu teknologi yang semakin banyak digunakan adalah Teknologi Oxford Nanopore (ONT), yang dapat menghasilkan pembacaan DNA berukuran panjang (*long reads*) dan dilakukan dalam waktu nyata (*real time*), yang meningkatkan kemampuan untuk menyusun genom dan karakterisasi taksonomi langsung dari sampel lingkungan secara cepat dan efisien, termasuk dalam konteks metagenomik (Nousias *et al.*, 2024).

ONT telah banyak digunakan dalam penelitian terkait tanah dan medis, namun penerapannya untuk sampel sungai tropis perkotaan di Indonesia masih jarang. Padahal, sungai seperti Cikapundung memiliki karakteristik ekologis yang heterogen, dengan tingkat pencemaran yang dapat mempengaruhi komunitas fungi. Penelitian metagenomik berbasis ONT ini berpotensi untuk memperlihatkan pola distribusi fungi dalam kondisi lingkungan yang terdegradasi, memberikan informasi dasar mengenai ada tidaknya spesies penting, serta mendeteksi gen resistensi antimikroba yang mungkin terkait dengan limbah dari rumah sakit atau limbah domestik (Nomoto *et al.*, 2024).

Kajian mengenai kelimpahan dan profil komunitas fungi berbasis analisis metagenomik pada Sungai Cikapundung memberikan kontribusi penting dalam pemahaman biodiversitas mikroba di sungai tropis urban. Informasi ini dapat menjadi dasar bagi pengembangan biomonitoring berbasis eDNA, yang mampu melengkapi pemantauan kualitas air secara fisika-kimia konvensional. Dengan mengkaji komunitas fungi pada beberapa titik yang mewakili tingkat gangguan berbeda, penelitian ini diharapkan mampu mengidentifikasi pola kelimpahan, keanekaragaman, dan potensi keterkaitan komunitas fungi dengan kondisi lingkungan sungai.

Bahan dan Metode

Pengambilan Sampel Lingkungan

Penelitian dilakukan pada dua lokasi aliran Sungai Cikapundung: (1) kawasan Tempat Pembuangan Sampah Mengger (Cikapundung A) yang relatif memiliki tekanan antropogenik lingkungan yang sedang, dan (2) kawasan belakang Rumah Sakit Cicendo dengan tingkat antropogenik relatif tinggi (Cikapundung B). Dari setiap lokasi diambil lima titik pengambilan sampel berjarak ± 100 m menggunakan botol steril 1 L. Parameter suhu dan pH diukur secara *in situ* menggunakan termometer digital dan pH meter portabel.

Filter Sampel dan Ekstraksi DNA

Sampel air kemudian difiltrasi menggunakan membran *mixed cellulose ester* (MCE) berpori $0,45 \mu\text{m}$ dengan sistem filtrasi vakum. Membran hasil filtrasi dipotong dan dimasukkan ke dalam tabung ekstraksi. Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan DNeasy PowerWater Kit (Qiagen) dengan penambahan *bead-beating* untuk meningkatkan lisis sel fungi. Kualitas DNA diperiksa menggunakan Nanodrop Lite Spectrophotometer ThermoScientific.

Library Preparation dan Sekuensing Metagenomik dengan Oxford Nanopore Technology

Proses *library preparation* sebelum melakukan sekuensing meliputi reaksi PCR dan penambahan barcoding pada tiap sampel.

Selanjutnya sampel digabung (*pooling*) dan dilakukan pembersihan. Kuantifikasi DNA dilakukan menggunakan Qubit dsDNA HS Assay Kit. Berikutnya dilakukan ligasi adapter, dan pengecekan flow cell. Terakhir, dilakukan priming dan loading sampel ke *flow cell* untuk dibaca urutan sekuensnya (proses sekuensing).

Pembuatan Database Referensi

Analisis dilakukan menggunakan Google Colab dengan bahasa pemrograman Python. Basis data referensi khusus fungi dibuat menggunakan Kraken2 (v2.1.3). Basis data mencakup semua genom fungi yang tersedia di NCBI RefSeq pada saat analisis. Pembuatan basis data meliputi tiga tahapan: mengunduh taksonomi NCBI, mengunduh pustaka genom fungi, dan membuat basis data akhir. Proses ini menghasilkan file hash.k2d, opts.k2d, taxo.k2d, dan pemetaan taksonomi terkait yang diperlukan untuk klasifikasi.

Analisis Metagenomik DNA Fungi

Klasifikasi dilakukan secara terpisah untuk dua titik Sungai, yaitu: CikapundungA dan CikapundungB. Laporan Kraken2 yang diperoleh dianalisis untuk mendapatkan informasi tingkat Kingdom hingga Species, dan hanya taksa dengan kode peringkat "S" yang dianggap sebagai hit tingkat spesies. Pembacaan tingkat spesies (*reads_clade*) dikumpulkan untuk setiap sampel. Kelimpahan relatif dihitung baik sebagai persentase dari total pembacaan metagenomik dan sebagai persentase pembacaan fungi yang diklasifikasikan. Tabel perbandingan spesies gabungan dihasilkan menggunakan Python (panda), dan statistik ringkasan, termasuk jumlah bacaan yang diklasifikasikan dan taksa peringkat teratas, dihitung. Visualisasi dan perbandingan kelimpahan fungi pada kedua sampel, serta analisis statistik meliputi diversitas alfa (indeks Shannon dan Simpson) dan beta (Principal Coordinates Analysis dan Bray-Curtis) dilakukan menggunakan Python. Perbedaan antara lokasi pengambilan sampel dianalisis secara kualitatif berdasarkan total pembacaan fungi, taksa dominan, dan relevansi ekologis.

Hasil dan Pembahasan

Bacaan Sekuensing Metagenomik *Shotgun*

Sekuensing metagenomik *shotgun* dari dua titik sampel air sungai (CikapundungA dan CikapundungB) masing-masing menghasilkan pembacaan sebanyak 945.612 dan 1.039.952. Klasifikasi menggunakan Kraken2 terhadap basis data referensi fungi yang dikurasi, mengidentifikasi pembacaan 2,52% dari total sekuens di sampel CikapundungA (23.793 bacaan terklasifikasi) dan 4,30% di sampel CikapundungB (44.707 bacaan terklasifikasi). Meskipun sebagian besar sekuens DNA (>95% di kedua sampel) tidak terklasifikasi, hal tersebut biasa terjadi pada set data hasil *shotgun* lingkungan karena representasi genom fungi yang belum lengkap pada basis data publik (Kausarud *et al.*, 2023; Bard *et al.*, 2025; Sanyal *et al.*, 2025). Namun demikian, proporsi pembacaan yang terklasifikasi cukup untuk memberikan gambaran taksa fungi yang dominan dan menyoroti perbandingan di antara lokasi pengambilan sampel yang berbeda (Lu *et al.*, 2017; Gasc *et al.*, 2018; Lu *et al.*, 2022).

Komposisi Komunitas Fungi

Kedua sampel, komposisi komunitas fungi didominasi oleh anggota filum Ascomycota, terutama dalam kelas Sordariomycetes, ordo Magnaporthales, dan famili Pyriculariaceae (Tabel 1). Adapun pada perolehan tingkat spesies, komunitas fungi berdasarkan 20 spesies dengan kelimpahan tertinggi menunjukkan pola struktur komunitas yang hampir serupa antara dua titik lokasi Sungai Cikapundung (Gambar 1). *Pyricularia* spp. (*grisea*, *pennisetigena*, *oryzae*) tampak mendominasi komunitas, sementara beberapa genus lain seperti *Thermothelomyces*, *Colletotrichum*, dan *Ustilagoidea* juga muncul secara konsisten pada kedua lokasi. Di Cikapundung B, *Pyricularia grisea* menyumbang 3.572 pembacaan (0,34% dari total pembacaan; $\pm 8\%$ dari pembacaan fungi yang terklasifikasi), *P. pennisetigena* menyumbang 2.057 pembacaan, dan *P. oryzae* menyumbang 389 pembacaan.

Cikapundung A menunjukkan taksa yang sama tetapi pada jumlah yang lebih rendah, konsisten dengan hasil fungi keseluruhan yang lebih rendah dalam sampel ini. Perolehan pembacaan fungi pada sampel air sungai

Cikapundung B, hampir 1,7 kali lebih tinggi dari Cikapundung A (4,30% vs 2,52%). Fokus pada ketiga *Pyricularia* spp. menunjukkan perbandingan kuantitatif tiga spesies utama (Gambar 2). Grafik ini memperlihatkan bahwa kelimpahan ketiga spesies tersebut jauh lebih tinggi pada Cikapundung B dibandingkan Cikapundung A. Pada *P. grisea*, misalnya, jumlah bacaan yang terdeteksi lebih dari dua kali lipat di lokasi B. Tren yang sama terlihat pada *P. pennisetigena* dan *P. oryzae*, meskipun dalam kelimpahan absolut, *P. oryzae* lebih rendah dibandingkan dua spesies lainnya (Gambar 3).

Tabel 1. Spesies fungi dengan kelimpahan DNA tertinggi di Sungai Cikapundung

<i>Species</i>	<i>reads_A</i>	<i>reads_B</i>
<i>Pyricularia grisea</i>	1572	3572
<i>Thermothielavioides terrestris</i>	900	1826
<i>Remersonia thermophila</i>	938	1712
<i>Pyricularia pennisetigena</i>	442	2057
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	945	1109
<i>Vanrija pseudolonga</i>	583	890
<i>Drechmeria coniospora</i>	567	894
<i>Thermothelomyces thermophilus</i>	515	944
<i>Purpureocillium takamizusanense</i>	545	873
<i>Colletotrichum lupini</i>	432	870
<i>Akanthomyces muscarius</i>	360	674
<i>Cutaneotrichosporon cavernicola</i>	392	577
<i>Ustilaginoidea virens</i>	363	600
<i>Sporisorium graminicola</i>	329	556
<i>Colletotrichum higginsianum</i>	237	616
<i>Malassezia japonica</i>	288	541
<i>Pyricularia oryzae</i>	291	389
<i>Ascochyta rabiei</i>	236	413
<i>Metarhizium brunneum</i>	230	393
<i>Colletotrichum destructivum</i>	200	409
<i>Sordaria macrospora</i>	199	390
<i>Aspergillus luchuensis</i>	204	384
<i>Penicillium psychrofluorescens</i>	210	375
<i>Mycosarcoma maydis</i>	206	338
<i>Neurospora crassa</i>	181	352
<i>Zymoseptoria tritici</i>	192	275
<i>Malassezia restricta</i>	189	271
<i>Rhizophagus irregularis</i>	142	280
<i>Coccidioides posadasii</i>	212	207
<i>Puccinia triticina</i>	140	276
<i>Lodderomyces elongisporus</i>	64	330

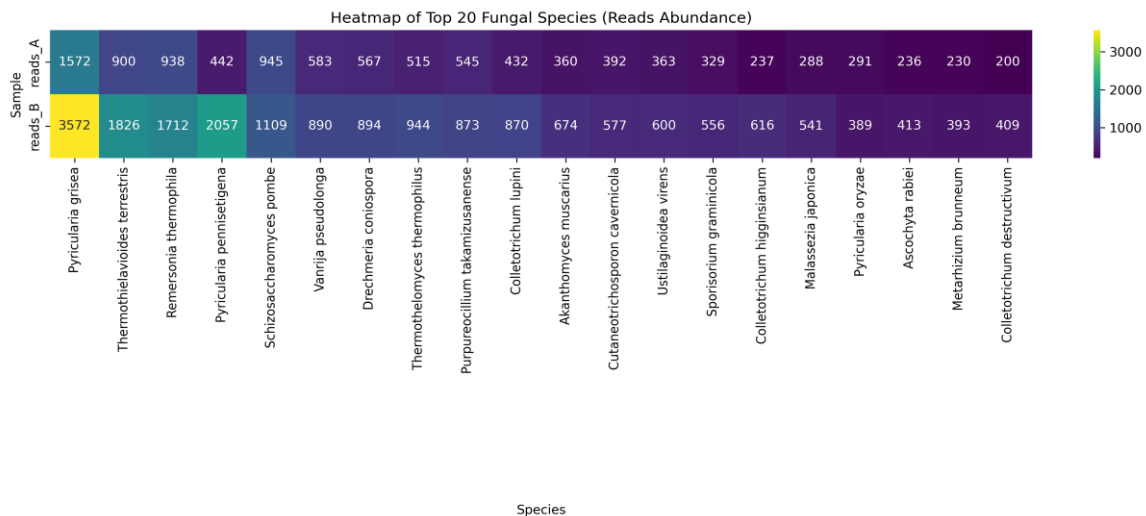
<i>Trichoderma breve</i>	126	250
<i>Yarrowia lipolytica</i>	162	212
<i>Fulvia fulva</i>	146	212
<i>Eremothecium gossypii</i>	111	239
<i>Trichoderma atroviride</i>	113	233
<i>Aspergillus fumigatus</i>	143	195
<i>Penicillium oxalicum</i>	122	212
<i>Aspergillus puulaauensis</i>	145	189
<i>Trichoderma asperellum</i>	123	201
<i>Pochonia chlamydosporia</i>	109	213
<i>Aspergillus chevalieri</i>	153	162
<i>Botrytis cinerea</i>	75	207
<i>Brettanomyces bruxellensis</i>	108	173
<i>Talaromyces rugulosus</i>	85	178
<i>Cercospora beticola</i>	84	178
<i>Alternaria dauci</i>	100	160
<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	88	154
<i>Fusarium keratoplasticum</i>	68	174
<i>Psilocybe cubensis</i>	81	160
<i>Fusarium poae</i>	110	129
<i>Candida dubliniensis</i>	83	151
<i>Lodderomyces beijingensis</i>	95	137
<i>Fusarium oxysporum</i>	71	154
<i>Malassezia vespertilionis</i>	96	129
<i>Aspergillus nidulans</i>	88	135
<i>Naumovozyma dairenensis</i>	77	139
<i>Penicillium digitatum</i>	76	138
<i>Fusarium falciforme</i>	57	151
<i>Lachancea thermotolerans</i>	87	118

Keterangan:

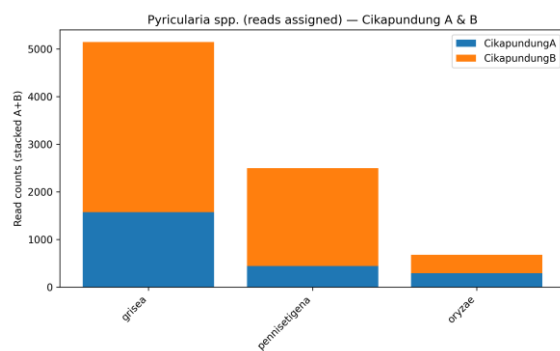
reads_A = jumlah bacaan DNA di titik Sungai Cikapundung A; reads_B = jumlah bacaan DNA di titik Sungai Cikapundung B

Keanekaragaman Alfa dan Beta

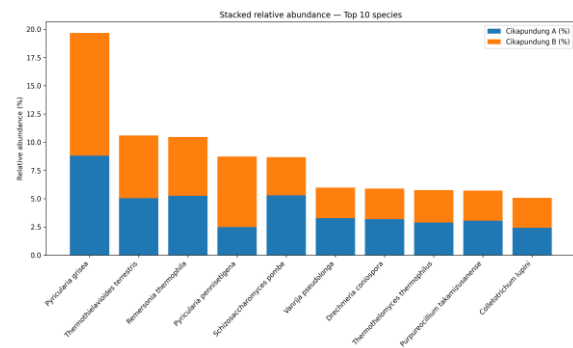
Indeks keanekaragaman alfa yang dihitung menggunakan metrik Shannon dan Simpson menunjukkan bahwa Cikapundung A dan Cikapundung B memiliki tingkat keanekaragaman yang relatif serupa (Gambar 4). Nilai Shannon di kedua lokasi berada sekitar 4,1-4,2, menandakan komunitas yang cukup beragam dan tidak didominasi oleh satu atau dua spesies saja. Indeks Simpson juga menunjukkan nilai mendekati 1, yang mengindikasikan tingginya probabilitas bahwa dua individu yang dipilih secara acak berasal dari spesies yang berbeda. Walaupun total kelimpahan bacaan pada beberapa spesies dominan lebih tinggi di Cikapundung B, keanekaragaman total tampak stabil, yang berarti bahwa peningkatan dominansi spesies tertentu tidak mengurangi representasi spesies-spesies lain secara signifikan.



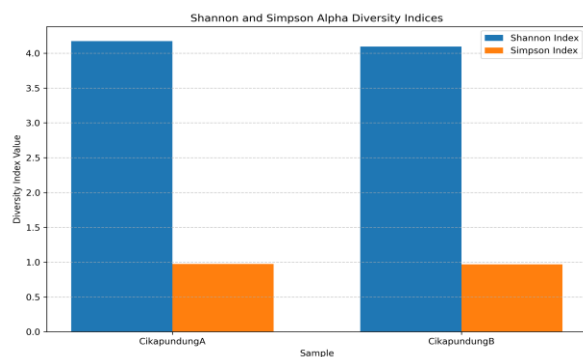
Gambar 1. Diagram *heatmap* kelimpahan 20 spesies fungi paling dominan pada dua titik Sungai Cikapundung



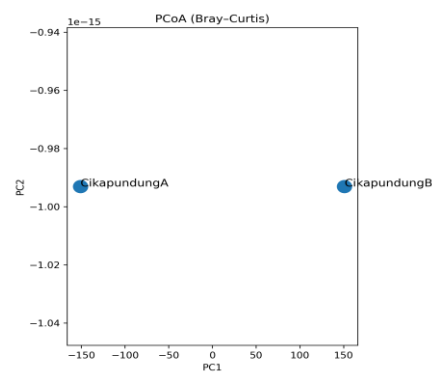
Gambar 2. Hasil bacaan sekuensing metagenomik *shotgun Pyricularia* spp. di Sungai Cikapundung titik A dan B



Gambar 3. Kelimpahan relatif 10 spesies teratas yang terdeteksi di Sungai Cikapundung titik A dan B



Gambar 4. PCoA berbasis jarak Bray-Curtis menunjukkan pemisahan struktur komunitas fungi antara Cikapundung titik A dan B



Gambar 5. Indeks keanekaragaman alfa (Shannon dan Simpson) komunitas fungi di lokasi Sungai Cikapundung titik A dan B.

Analisis Principal Coordinates Analysis (PCoA) berbasis jarak Bray-Curtis menunjukkan adanya pemisahan yang jelas antara komunitas fungi pada Cikapundung A dan Cikapundung B (Gambar 5). Pemisahan pada sumbu PC1,

meskipun hanya dua sampel, mengindikasikan bahwa kedua lokasi memiliki struktur komunitas yang sedikit berbeda. Cikapundung B terletak pada sisi positif sumbu PC1, sementara Cikapundung A berada pada sisi negatif,

menandakan perbedaan dominansi spesies antarlokasi.

Perbedaan ini konsisten dengan hasil kelimpahan spesies, di mana Cikapundung B menunjukkan jumlah bacaan yang lebih tinggi untuk beberapa spesies dominan seperti *Pyricularia grisea*, *Pyricularia pennisetigena*, dan *Thermothielavioides terrestris*. Hal ini dapat mencerminkan peningkatan nutrisi/limbah organik, aktivitas antropogenik yang lebih kuat, atau kondisi lingkungan yang lebih mendukung pertumbuhan jamur fitopatogen dan saprofit (Bai *et al.*, 2018; Ortiz-Vera *et al.*, 2018).

Pembahasan

Profil Komunitas Fungi di Sungai Cikapundung

Profil fungi yang diperoleh dari pembacaan metagenomik DNA menunjukkan bahwa Sungai Cikapundung memiliki keragaman DNA fungi yang terkait dengan tanaman dan relevan dengan pertanian, terutama spesies *Pyricularia*. Fungi ini juga terkenal karena hubungannya dengan tanaman, termasuk padi dan rumput liar. *Pyricularia oryzae*, khususnya, merupakan fitopatogen penting yang menyebabkan penyakit bercak daun pada tanaman padi (blas), sedangkan *P. grisea* dan *P. pennisetigena* umumnya menempati permukaan daun, tanah, dan lingkungan air tawar tempat menumpuknya materi organik tanaman yang mati.

Keberadaan spesies *Pyricularia* yang mencakup sebagian besar pembacaan fungi yang terklasifikasi di kedua sampel, menunjukkan bahwa sungai menerima input biologis yang signifikan dari aktivitas vegetasi di sekelilingnya, tumbuhan yang tumbuh di sepanjang tepi badan air (vegetasi riparian), atau bahan tanaman yang membusuk yang berasal dari lanskap yang didominasi rumput dan semak. Tingginya kelimpahan fungi tersebut kemungkinan mencerminkan faktor lingkungan lokal, seperti kedekatan dengan kepadatan vegetasi yang tinggi. Meskipun titik pengambilan sungai ada di perkotaan, namun sebagaimana sistem sungai di lingkungan tropis, badan sungai memiliki berbagai tanaman rerumputan maupun semak.

Beberapa spesies dalam *heatmap*, seperti *Colletotrichum higginsianum* dan *Metarhizium brunneum*, juga dikenal memiliki potensi virulen terhadap organisme lain, termasuk invertebrata air. Dengan demikian, pola kelimpahan yang teramati tidak hanya mencerminkan kondisi fisikokimia

perairan, tetapi juga potensi gangguan terhadap rantai trofik dan stabilitas komunitas ekologis (Scholte *et al.*, 2004; Mantzoukas *et al.*, 2022).

Perbedaan intensitas kelimpahan mengindikasikan bahwa Cikapundung B mengalami tekanan ekologis lebih besar dibandingkan Cikapundung A. Kelimpahan total bacaan yang lebih tinggi menggambarkan tingginya ketersediaan substrat organik yang mendukung pertumbuhan mikroba. Kondisi ini dapat terjadi akibat meningkatnya beban nutrisi dari pemukiman, atau limbah domestik (Tamba & Surtikanti, 2024). Dengan demikian, pola komunitas fungi dapat dijadikan indikator biologis yang sensitif terhadap degradasi kualitas air (Mao *et al.*, 2025).

Basis Data Referensi Fungi

Representasi genom fungi pada basis data publik saat ini masih terbatas sehingga proporsi pembacaan yang tidak terklasifikasi tergolong tinggi. Salah satu algoritma basis data yaitu Kraken (Wood *et al.*, 2019), banyak digunakan sampai saat ini, juga diimplementasikan dalam salah satu *pipeline* terbaru metagenomik fungi yaitu FindFungi (Donovan *et al.*, 2018). Berdasarkan algoritma Kraken2, tren dominan membuktikan kedua titik pengambilan sampel menunjukkan komunitas turunan Ascomycota secara konsisten, juga keberadaan Sordariomycetes, kelas fungi yang memiliki karakter ekologis yang kuat, yang mencakup banyak saprotrof dan patogen yang terkait dengan tanaman (Tedersoo *et al.*, 2014; Lepere *et al.*, 2019). Deteksi beberapa spesies *Pyricularia* pada angka bacaan yang relatif tinggi semakin memperkuat bahwa hubungan terestrial-akuatik adalah pendorong utama struktur komunitas mikroba di segmen sungai ini.

Studi pada sungai lain menunjukkan bahwa komunitas fungal di berbagai cabang sungai atau situs yang berbeda memang cenderung bervariasi secara spasial, baik karena perbedaan kondisi fisikokimia maupun jarak geografis antar sampel (Matsuoka *et al.*, 2019; Quandt, C. A., 2023). Perbedaan antara Cikapundung A dan Cikapundung B menyoroti heterogenitas spasial dalam komposisi komunitas fungi, yang mungkin sesuai dengan variasi penggunaan lahan, hidrologi, atau peristiwa curah hujan baru-baru ini. Tingginya kelimpahan fungi Cikapundung B dapat mencerminkan paparan limpasan yang lebih tinggi atau peningkatan pengendapan biomassa tanaman.

Hal ini menunjukkan pentingnya mengintegrasikan profil fungi metagenomik dengan data hidrologi dan penggunaan lahan untuk lebih memahami proses ekologi skala Daerah Aliran Sungai.

Rekomendasi

Terlepas dari keterbatasan pada deteksi fungi berbasis metagenomik *shotgun*, seperti tingkat kesalahan sekuensing, cakupan database yang tidak lengkap, dan penentuan tingkat spesies yang ambigu di antara taksa yang terkait erat, pola dominasi yang teramati dalam penelitian ini konsisten dan bermakna secara ekologis. Sebagai rekomendasi untuk penelitian selanjutnya, dapat dilakukan pengembangan metode dengan mengombinasikan metagenomik *shotgun* dengan sekuensing yang menarget ampikon *Internal Transcribed Spacer* (ITS) atau *Quantitative Polymerase Chain Reaction* (qPCR), mengingat pembacaan *shotgun* dipengaruhi oleh ukuran genom dan potensi sekuens untuk dipetakan. Selain itu, ITS juga menjadi standar utama dalam identifikasi fungi karena tingkat divergensi sekuens yang tinggi (Tedersoo *et al.*, 2014; Nilsson *et al.*, 2019). Analisis lebih lanjut dapat dilakukan misalnya pada spesies dominan seperti *Pyricularia*, untuk memvalidasi perkiraan kelimpahan dan menilai variabilitas temporalnya di seluruh musim atau gradien curah hujan.

Kesimpulan

Penelitian ini menunjukkan bahwa komunitas fungi di Sungai Cikapundung didominasi oleh taksa yang berkaitan erat dengan vegetasi darat, khususnya kelompok *Pyricularia*, yang kelimpahannya konsisten pada dua segmen sungai yang dianalisis. Pola kelimpahan ini mengindikasikan bahwa masukan biomassa tanaman dan limpasan daratan merupakan pendorong utama struktur komunitas fungi, meskipun kondisi sungai berada di kawasan perkotaan. Lokasi Cikapundung B memperlihatkan kelimpahan yang lebih tinggi dan komposisi yang lebih terdistorsi, yang mengarah pada dugaan adanya tekanan ekologis lebih besar akibat peningkatan beban nutrisi atau limbah domestik. Tingginya proporsi pembacaan yang tidak terklasifikasi mencerminkan keterbatasan representasi genom fungi dalam basis data publik. Meskipun demikian, pola

Ascomycota dan Sordariomycetes yang dominan tetap memberikan wawasan ekologis yang kuat mengenai hubungan terestrial–akuatik dalam ekosistem sungai tropis. Konsistensi pola komunitas dan perbedaan antar-lokasi menegaskan potensi komunitas fungi sebagai indikator biologis yang sensitif terhadap degradasi kualitas perairan, baik akibat nutrisi berlebih, perubahan tutupan lahan, maupun proses hidrologis lainnya. Profil fungi dapat melengkapi indikator tradisional seperti kimia air dan bioindikator makroinvertebrata. Integrasi antara metagenomik *shotgun* dengan analisis berbasis penanda ITS atau qPCR disarankan untuk meningkatkan resolusi taksonomi dan akurasi estimasi kelimpahan. Studi lanjutan yang memasukkan aspek temporal, hidrologi, dan penggunaan lahan akan sangat penting untuk memahami dinamika komunitas fungi dan implikasinya terhadap kesehatan ekosistem sungai perkotaan.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih kepada semua pihak yang terlibat, sehingga penelitian ini dapat terlaksana. Penelitian ini didanai dari hibah penelitian Direktorat Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat, Direktorat Jenderal Riset dan Pengembangan, Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi Republik Indonesia, tahun pendanaan 2025.

Referensi

- Bai, Y., Wang, Q., Liao, K., Jian, Z., Zhao, C., & Qu, J. (2018). Fungal Community as a Bioindicator to Reflect Anthropogenic Activities in a River Ecosystem. *Frontiers in Microbiology*, 9. DOI: 10.3389/fmicb.2018.03152
- Banerjee, P., Stewart, K. A., Dey, G., Antognazza, C. M., Sharma, R. K., Maity, J. P., Saha, S., Doi, H., de Vere, N., Chan, M. W. Y., Lin, P.-Y., Chao, H.-C. & Chen, C.-Y. (2022). Environmental DNA analysis as an emerging non-destructive method for plant biodiversity monitoring: A review. *AoB Plants*, 14(4), plac031. DOI: 10.1093/aobpla/plac031
- Bard, N. W., Davies, T. J., & Cronk, Q. C. B. (2024). Teknonaturalist: A Snakemake

- Pipeline for Assessing Fungal Diversity From Plant Genome Bycatch. *Molecular Ecology Resources*, 25(3). DOI: 10.1111/1755-0998.14056
- Barros, J., Ben Tanfous, S. & Seena, S. (2024). Aquatic fungi as bioindicators of freshwater ecosystems. *Water*, 16(23), 3404. DOI: 10.3390/w16233404
- Donovan, P. D., Gonzalez, G., Higgins, D. G., Butler, G. & Ito, K. (2018). Identification of fungi in shotgun metagenomics datasets. *PLOS One*, 13(2): e0192898 DOI: 10.1371/journal.pone.0192898
- Gasc, C., & Peyret, P. (2018). Hybridization capture reveals microbial diversity missed using current profiling methods. *Microbiome*, 6(1). DOI: 10.1186/s40168-018-0442-3
- Kauserud, H. (2023). ITS alchemy: On the use of ITS as a DNA marker in fungal ecology. *Fungal Ecology*, 65, 101274–101274. DOI: 10.1016/j.funeco.2023.101274
- Lepere, C., Domaizon I., Humbert J., Jardillier L., Hugoni M. & Debroas D. (2019). Diversity, spatial distribution and activity of fungi in freshwater ecosystems. *PeerJ*, 7: e6247 DOI: 10.7717/peerj.6247.
- Lu, J., Breitwieser, F. P., Thielen, P., & Salzberg, S. L. (2017). Bracken: estimating species abundance in metagenomics data. *PeerJ Computer Science*, 3, e104. DOI: 10.7717/peerj-cs.104
- Lu, J., Rincon, N., Wood, D. E., Breitwieser, F. P., Pockrandt, C., Langmead, B., Salzberg, S. L., & Steinegger, M. (2022). Metagenome analysis using the Kraken software suite. *Nature Protocols*. DOI: 10.1038/s41596-022-00738-y
- Mantzoukas, S., Kitsiou, F., Natsiopoulou, D. & Eliopoulos, P. A. (2022). Entomopathogenic fungi: interactions and applications. *Encyclopedia*, 2(2), 646–656. DOI: 10.3390/encyclopedia2020044.
- Mao, X., Yin, X., Yang, Y., Gao, F., Li, S., Shi, X., Deng, Y., Li, L., Leung, K. M. Y. & Zhang, T. (2025). Longitudinal metagenomic analysis on antibiotic resistome, mobilome, and microbiome of river ecosystems in a sub-tropical metropolitan city. *Water Research*, 274, 123102. DOI: 10.1016/j.watres.2025.123102
- Matsuoka, S., Sugiyama, Y., Sato, H., Katano, I., Harada, K. & Doi, H. (2019). Spatial structure of fungal DNA assemblages revealed with eDNA metabarcoding in a forest river network in western Japan. *Metabarcoding and Metagenomics*, 3, e36335. DOI: 10.3897/mbmg.3.36335.
- Nilsson, R. H., Larsson, K.-H., Taylor, A. F. S., Bengtsson-Palme, J., Jeppesen, T. S., Schigel, D., Kennedy, P., Picard, K., Glockner, F. O., Tedersoo, L., Saar, I., Koljalg, U. & Abarenkov, K. (2019). The UNITE database for molecular identification of fungi: Handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Research*, 47(D1), D259–D264. DOI: 10.1093/nar/gky1022.
- Nomoto, R., Osawa, K., Kinoshita, S., Kitagawa, K., Nakanishi, N., Sarassari, R., Raharjo, D., Fujisawa, M., Kuntaman, K. & Shirakawa, T. (2024). Metagenome and resistome analysis of beta-lactam-resistant bacteria isolated from river waters in Surabaya, Indonesia. *Microorganisms*, 12(1), 199. DOI: 10.3390/microorganisms12010199.
- Nousias, O., Duffy, F. G., Duffy, I. J., Whilde, J. & Duffy, D. J. (2024). Long-read nanopore shotgun eDNA sequencing for river biodiversity, pollution and environmental health monitoring. *bioRxiv*. DOI: 10.1101/2024.11.01.621618.
- Ortiz-Vera, M. P., Olchanheski, L. R., da Silva, E. G., de Lima, F. R., Martinez, L. R. del P. R., Sato, M. I. Z., Jaffé, R., Alves, R., Ichiwaki, S., Padilla, G., & Araújo, W. L. (2018). Influence of water quality on diversity and composition of fungal communities in a tropical river. *Scientific Reports*, 8(1), 14799. DOI: 10.1038/s41598-018-33162-y
- Quandt, C. A., Marino, J. A., Simmons, D. R., Davis, W. J., Hassett, B. T., Picard, K. T. & James, T. Y. (2023). Evaluating the diversity of the enigmatic fungal phylum Cryptomycota across habitats using 18S rRNA metabarcoding. *Fungal Ecology*, 64, 101248. DOI: 10.1016/j.funeco.2023.101248

- Sanyal, A., Kluge, M., Redondo, M. A., Buck, M., Mehrshad, M., Garcia, S. L., Bertilsson, S., & Peura, S. (2025). Aquatic fungal diversity assessment through metagenomics is still limited to current databases. *Limnology and Oceanography*, 70(11), 3249–3260. DOI: 10.1002/lno.70205
- Scholte, E. J., Knols, B. G. J., Samson, R. A. & Takken, W. (2004). Entomopathogenic fungi for mosquito control: A review. *Journal of Insect Science*, 4(19), 1–24. DOI: 10.1093/jis/4.1.19.
- Siriarchawatana, P., Harnpicharnchai, P., Phithakrotchanakoon, C., Kitikhun, S., Mayteeworakoon, S., Chunhametha, S., Vū, T. L. H., Eurwilaichitr, L., Jiang, C., Cai, L. & Ingsriswang, S. (2024). Fungal communities as dual indicators of river biodiversity and water quality assessment. *Water Research*, 253, 121252. DOI: 10.1016/j.watres.2024.121252.
- Subiantoro, W., Juwita, W., Fisher, G., Lestari, S. P., Anindhita, S. P. & Marlina, A. W. (2025). Evaluasi dampak normalisasi Sungai Cikapundung terhadap kualitas lingkungan perkotaan. *Jurnal Ekologi Tropis*, 18(1), 77–88.
- Tamba, R. & Surtikanti, H. K. (2024). Analisis hubungan limbah rumah tangga terhadap pencemaran air Sungai Cikapundung di sekitar Jalan Wastukencana. *Asian Journal of Toxicology, Environmental, and Occupational Health*, 1(2). DOI: 10.61511/ajteoh.v1i2.2024.368.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Pölme, S., Kõljalg, U., Yorou, N. S., Wijesundera, R., Villarreal Ruiz, L., Vasco-Palacios, A. M., Thu, P. Q., Suija, A., Smith, M. E., Sharp, C., Saluveer, E., Saitta, A., Rosas, M., Riit, T., Ratkowsky, D., Pritsch, K., Põldmaa, K., Piepenbring, M., Phosri, C., Peterson, M., Parts, K., Pärtel, K., Otsing, E., Nouhra, E., Njouonkou, A. L., Nilsson, R. H., Morgado, L. N., Mayor, J., May, T. W., Majuakim, L., Lodge, D. J., Lee, S. S., Larsson, K.-H., Kohout, P., Hosaka, K., Hiiesalu, I., Henkel, T. W., Harend, H., Guo, L.-D., Greslebin, A., Grelet, G., Gém, J., Gates, G., Dunstan, W., Dunk, C., Drenkhan, R., Dearnaley, J., De Kesel, A., Dang, T., Chen, X., Buegger, F., Brearley, F. Q., Bonito, G., Anslan, S., Abell, S. & Abarenkov, K. (2014). Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 346(6213), 1256688. DOI: 10.1126/science.1256688
- Wood, D. E., Lu, J. & Langmead, B. (2019). Improved metagenomic analysis with Kraken 2. *Genome Biol*, 20, 257. DOI: 10.1186/s13059-019-1891-0