

ORASI ILMIAH PENGUKUHAN GURU BESAR UPN "VETERAN" JAWA TIMUR

BIDANG BIOLOGI DAN EKOLOGI TANAH

JUDUL

METAGENOMIK : REVOLUSI MIKROBA DALAM
MEMBANGUN KESEHATAN TANAH DAN
KETANGGUHAN EKOSISTEM



SABTU, 26 APRIL

2025

PROF. DR. IR. ROSSYDA PRIYADARSHINI, MP



UPN
KAMPUS BELA NEGARA



**ORASI ILMIAH
PENGUKUHAN GURU BESAR**

**METAGENOMIK : REVOLUSI MIKROBA DALAM
MEMBANGUN KESEHATAN TANAH DAN
KETANGGUHAN EKOSISTEM**

PROF. DR. IR. ROSSYDA PRIYADARSHINI, M.P.

**PENGUKUHAN GURU BESAR
BIDANG BIOLOGI DAN EKOLOGI TANAH**

**PROGRAM STUDI AGROTEKNOLOGI
UPN "VETERAN" JAWA TIMUR**

**GEDUNG SERBA GUNA (GSG) GIRI LOKA
UPN "VETERAN" JAWA TIMUR**

26 APRIL 2025

KATA PENGANTAR

Assalamu'alaikum warohmatullahi wabarakatuh
Salam sejahtera bagi kita semua
Om swastiastu, namo buddhaya
Salam Kebajikan

Yang Terhormat,

1. Direktur Jendral Pendidikan Tinggi, Riset, dan Teknologi Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi Republik Indonesia
2. Ketua Dewan Pengawas atau yang mewakili
3. Rektor dan Wakil Rektor UPN "Veteran" Jawa Timur
4. Bapak/Ibu Ketua, Sekretaris, dan Anggota Senat UPN "Veteran" Jawa Timur
5. Bapak/Ibu para Guru Besar UPN "Veteran" Jawa Timur
6. Bapak/Ibu Para Dekan dan Wakil Dekan di lingkungan UPN "Veteran" Jawa Timur
7. Bapak/Ibu Para Ketua Jurusan, Sekretaris Jurusan, dan Koordinator Program Studi di lingkungan UPN "Veteran" Jawa Timur
8. Bapak/Ibu para pimpinan Lembaga dan Unit Pendukung Akademik di lingkungan UPN "Veteran" Jawa Timur
9. Civitas akademik di lingkungan UPN "Veteran" Jawa Timur
10. Seluruh undangan, keluarga, saudara, sahabat, serta para hadirin yang saya muliakan

Bapak Rektor, Anggota Senat, dan hadirin yang saya muliakan

Pentingnya Kesehatan Tanah dalam Keberlanjutan Global

Tanah adalah matriks hidup yang dinamis yang dipenuhi dengan kehidupan mikroba yang mengatur fungsi ekosistem yang penting (Lehmann et al., 2020). Tanah yang sehat menyediakan jasa ekosistem yang penting, termasuk siklus hara, penyaringan air, dan penekanan penyakit (Bardgett & van der Putten, 2014). Namun, aktivitas antropogenik, seperti pertanian intensif, deforestasi, dan urbanisasi, secara signifikan menyebabkan meningkatnya degradasi tanah sekaligus menurunkan kesehatan tanah (Lal, 2021). Degradasi tanah tidak hanya menyebabkan penurunan produktivitas pertanian, namun juga mengancam keanekaragaman hayati, kualitas air, serta peningkatan emisi gas rumah kaca, sehingga mengganggu stabilitas iklim (FAO, 2015). Oleh karena itu, memahami kesehatan tanah sangat penting untuk memastikan terwujudnya pertanian berkelanjutan dan pelestarian lingkungan.

Kesehatan tanah sering didefinisikan sebagai kapasitas tanah untuk mempertahankan produktivitas biologis, menjaga kualitas lingkungan, dan meningkatkan kesehatan tanaman. Mikroorganisme merupakan kunci dalam kesehatan tanah; mempengaruhi siklus nutrisi, dekomposisi bahan organik, dan penekanan penyakit.

Bapak ibu yang saya hormati,

Mikrobioma Tanah dan Perannya dalam Fungsi Tanah

Mikrobioma tanah merujuk pada komunitas mikroorganisme yang kompleks, termasuk bakteri, jamur, archaea, protozoa, dan virus, yang menghuni lingkungan tanah. Komunitas mikroba ini memainkan peran penting dalam menjaga kesehatan tanah, memengaruhi pertumbuhan tanaman, dan mendorong siklus biogeokimia (Fierer, 2017). Keragaman dan fungsi mikroba tanah dibentuk oleh berbagai faktor seperti jenis tanah, iklim, penggunaan lahan, dan praktik pertanian (van der Heijden et al., 2008). Salah satu kontribusi utama mikrobioma tanah adalah perannya dalam layanan

ekosistem, yang merupakan manfaat yang diberikan ekosistem untuk menopang kehidupan. Layanan ini secara luas dapat dikategorikan menjadi empat jenis utama:

- **Layanan Penyediaan** – Mikrobioma tanah meningkatkan produktivitas tanaman dengan meningkatkan ketersediaan nutrisi. Mikroba simbiosis, seperti rhizobia pada kacang-kacangan, mengikat nitrogen atmosfer, sehingga dapat diserap tanaman (Zhou et al., 2020). Jamur mikoriza meningkatkan perolehan fosfor, sehingga mendukung hasil panen dan ketahanan pangan (Smith & Read, 2010).
- **Layanan Pengaturan** – Mikroba tanah memainkan peran penting dalam pengaturan iklim dengan mempengaruhi siklus karbon dan nitrogen. Mikroba tertentu menguraikan bahan organik, melepaskan karbon dioksida (CO₂), membantu mengurangi emisi gas rumah kaca (Conant et al., 2011), serta berkontribusi pada penekanan penyakit dengan mengalahkan patogen yang ditularkan melalui tanah (Mendes et al., 2011).
- **Layanan Pendukung** – Aktivitas mikroba di tanah mendukung proses ekosistem fundamental, (pembentukan tanah, siklus nutrisi, dan dekomposisi bahan organik, produksi enzim ekstraseluler) mempercepat penguraian bahan organik kompleks, meningkatkan kesuburan tanah (Nannipieri et al., 2012).
- **Layanan Budaya** – Di luar fungsi ekologisnya, mikroba tanah berkontribusi pada layanan ekosistem budaya dengan mempengaruhi praktik pertanian tradisional, dan mendukung kemajuan ilmiah dalam bioteknologi dan kedokteran (Barrios, 2007).

Mengingat peran pentingnya dalam menjaga kesehatan tanah dan ekosistem, maka memahami dan mengelola komunitas mikroba tanah sangat penting untuk mendorong

pertanian berkelanjutan dan mengurangi tantangan lingkungan. Kemajuan dalam metagenomik dan penelitian mikrobioma tanah memberikan wawasan baru tentang keanekaragaman dan fungsi mikroba, yang memungkinkan pengembangan praktik pertanian cerdas iklim yang meningkatkan ketahanan tanah dan keberlanjutan ekosistem (Garrido-Oter et al., 2018)

Kompleksitas komunitas mikroba tanah menyebabkan mikroorganisme sulit untuk dipelajari dengan menggunakan metode berbasis kultur tradisional, yang hanya menangkap sebagian kecil keanekaragaman mikroba (Torsvik & Øvreås, 2002). Keterbatasan ini menyebabkan munculnya metagenomik sebagai alat yang ampuh untuk menganalisis komunitas mikroba tanah secara komprehensif.

Mikroorganisme sangat beranekaragam; dan saat ini hanyalah sebagian kecil dari populasi mikroba yang bisa dikenali. Metode tradisional, yang mengharuskan mikroba tumbuh dalam kultur laboratorium, hanya menangkap sekitar 1% mikroorganisme tanah. Untuk lebih memahami komunitas mikroba tanah secara keseluruhan, dapat digunakan analisis metagenomik, yaitu pengurutan dan analisis DNA yang diekstraksi dari sampel lingkungan. Pendekatan ini dapat disebut sebagai ekogenomik, genomik lingkungan, atau genomik komunitas (Abram, 2015).

Metagenomik memberikan kontribusi yang signifikan terhadap studi agroekosistem. Metagenomik dapat memfasilitasi pemahaman tentang tingginya keragaman mikroba dalam tanah, kemajuan bioteknologi, dan untuk pertanian berkelanjutan (Garrido-Oter et al., 2018).

Metagenomik tanah muncul sebagai alat revolusioner, yang menawarkan wawasan mendalam tentang komunitas mikroba tersembunyi yang mendukung kesehatan tanah. Metagenomik memungkinkan kita mempelajari materi genetik seluruh komunitas mikroba langsung dari sampel tanah, tanpa perlu kultur. Dengan mengungkap jalinan genetik mikrobioma tanah yang kompleks melalui teknik metagenomik, akan memungkinkan kita untuk memahami keanekaragaman hayati tanah, kemampuan fungsional, dan interaksi dengan

lingkungannya dalam skala yang belum pernah terjadi sebelumnya.

Melalui orasi ilmiah ini, saya akan mengajak Bapak/ibu dan hadirin sekalian memahami aspek-aspek utama metagenomik tanah - bagaimana hal itu membantu kita memahami keanekaragaman mikroba, menilai kesehatan tanah, dan mengembangkan solusi untuk tantangan lingkungan.”

Bapak/ibu yang saya hormati, Metagenomik sebagai Pendekatan Revolusioner dalam Ekologi Mikroba Tanah

Metagenomik, sebuah studi tentang materi genetik yang berasal dari sampel lingkungan, meningkatkan pemahaman kita tentang ekologi mikroba (Handelsman, 2004). Tidak seperti teknik mikrobiologi konvensional, analisis metagenomik memungkinkan analisis semua komunitas mikroba, bahkan organisme yang tidak dapat dikulturkan, dengan menganalisis DNA yang diekstraksi dari tanah (Wooley et al., 2010). Teknologi seperti Oxford Nanopore dan Illumina, telah secara signifikan meningkatkan resolusi studi tentang tanah, yang memungkinkan peneliti untuk mengidentifikasi mikroba taksa, gen fungsionalnya, dan potensi metaboliknya (Quince et al., 2017).

Istilah “metagenomik” digunakan untuk menggambarkan penelitian terkait data genomik mikroorganisme, dan dapat dibagi menjadi metagenomik ampikon dan metagenomik shotgun. Penelitian metagenomik ampikon biasanya mengeksplorasi keanekaragaman mikroba, sedangkan penelitian metagenomik shotgun terutama difokuskan pada penggalian gen fungsional dan metabolisme (Kamble et al., 2020 ; Quince et al., 2017). Secara khusus, metagenomik berbasis gen yang ditargetkan digunakan untuk memperoleh bagian dari masing-masing mikroba dalam sampel lingkungan, seperti sampel tanah, air, udara, dan es (Vecherskii et al., 2021, Garber et al., 2021).

Pendekatan metagenomik memberikan peluang untuk meneliti keragaman mikroba, filogeni, dan potensi fungsional tanpa mengisolasi spesies individu. Metagenomik melibatkan pengurutan

DNA tanah, yang memberikan wawasan komprehensif tentang komunitas mikroba dan repertoar genetiknya. Pendekatan utama untuk metagenomik meliputi:

1. **Shotgun Metagenomics:** Metode ini memungkinkan pembuatan profil fungsional dan taksonomi. Pendekatan ini membantu mengidentifikasi gen yang bertanggung jawab atas siklus nutrisi dan degradasi polutan.
2. **Amplicon Sequencing:** Menargetkan penanda genetik tertentu seperti gen 16S rRNA untuk bakteri atau daerah ITS untuk jamur. Metode ini berguna untuk memahami keragaman mikroba dan pergeseran komunitas sebagai respons terhadap perubahan lingkungan.
3. **Metatranskriptomik:** Menganalisis transkrip RNA untuk menentukan ekspresi gen dan proses mikroba aktif, serta mengidentifikasi ekspresi gen mikroba aktif, yang memberikan wawasan proses biologis dinamis seperti penyerapan nutrisi dan respons stres.
4. **Metaproteomik dan Metabolomik:** Menganalisis protein dan metabolit untuk menghubungkan fungsi mikroba dengan aktivitas biokimia tanah.

Bapak/ibu yang saya hormati,

Peran Metagenomik dalam Kesehatan Tanah

Metagenomik adalah pendekatan molekuler yang memberikan peluang untuk mempelajari materi genetik kolektif komunitas mikroba di tanah. Tidak seperti teknik kultur tradisional, metagenomik memberikan pandangan yang komprehensif tentang keragaman mikroba dan potensi fungsional mikrobioma tanah.

1. **Mengungkap Keragaman Mikroba Tersembunyi**
Metagenomik melakukan pengurutan DNA langsung dari sampel lingkungan, dan mengungkap spektrum kehidupan mikroba yang jauh lebih luas.
2. **Menilai Potensi Fungsional**
Analisis metagenomik dapat mengidentifikasi gen yang bertanggung jawab atas jalur biokimia utama,

seperti fiksasi nitrogen, pelarutan fosfor, dan dekomposisi bahan organik.

3. Melacak Indikator Kesehatan Tanah

Membandingkan profil metagenomik di berbagai kondisi tanah, untuk mengembangkan biomarker untuk kesehatan tanah, untuk strategi pengelolaan lahan yang lebih baik.

4. Memantau Respons terhadap Perubahan Lingkungan

Metagenomik menilai bagaimana mikrobioma tanah merespons perubahan iklim, perubahan penggunaan lahan, dan praktik pertanian. Pengetahuan ini dapat menginformasikan strategi adaptif untuk mempertahankan ketahanan tanah dalam menghadapi stresor lingkungan.

5. Meningkatkan Pertanian Berkelanjutan

Mengidentifikasi galur mikroba yang bermanfaat dengan sifat-sifat seperti penekanan penyakit dan mobilisasi nutrisi, metagenomik untuk membantu pengembangan biofertilizer dan agen pengendalian hayati, untuk mendukung praktik pertanian berkelanjutan.

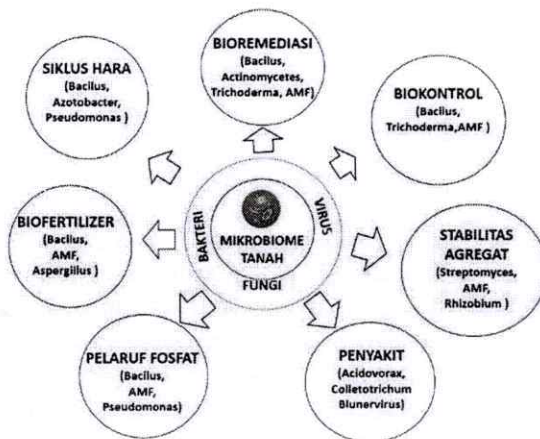
Bapak/ibu yang saya hormati,

Kesehatan tanah didefinisikan sebagai kapasitas tanah yang berkelanjutan untuk berfungsi sebagai sistem kehidupan, terutama dalam menghadapi degradasi lahan, polusi, dan perubahan iklim.

Keragaman mikroba sangat penting untuk berfungsinya tanah secara baik; namun, hanya sedikit informasi yang tersedia tentang bagaimana mikroorganisme dapat membantu menentukan kesehatan tanah. Komunitas mikroba adalah *natures engineers*, yang mengatur proses-proses penting seperti daur ulang nutrisi, dekomposisi bahan organik, dan pembentukan struktur tanah.

Dengan menggunakan teknik metagenomik, gen-gen fungsional yang bertanggung jawab atas proses-proses biokimia utama dapat diidentifikasi, misalnya:

1. Fiksasi nitrogen – dilakukan oleh bakteri Rhizobium dan Azotobacter, yang mengubah nitrogen atmosfer menjadi bentuk-bentuk yang dapat dimanfaatkan tanaman.
2. Pelarutan fosfor – mikroba tertentu melepaskan asam-asam organik yang melarutkan fosfor, sehingga dapat diakses oleh tanaman.
3. Penyerapan karbon – mikroba tanah memecah residu tanaman dan berkontribusi pada penyimpanan karbon jangka panjang di dalam tanah, yang berperan dalam mitigasi perubahan iklim.



Gambar 1. Potensi Fungsional Mikroba

Analisis metagenomik memungkinkan ditemukannya asosiasi anggota tertentu pada komunitas mikroba akibat transformasi yang mungkin dialami tanah (Long et al., 2016).

Metagenomik tanah memberikan informasi penting tentang adaptasi dan interaksi antara komunitas mikroorganisme dan bagaimana hal tersebut dapat dipengaruhi oleh perubahan lingkungan (Bonomo et al., 2022). Metagenomik menyediakan biomarker—indikator kualitas

tanah—dengan menganalisis komposisi mikroba dan kapasitas fungsional tanah..



Gambar 2. Teknik Metagenomik

Metagenomik diklasifikasikan menjadi dua jenis: terpandu dan acak. Metagenomik terpadu, juga dikenal sebagai "meta-barkode", mengidentifikasi taksonomi dalam skala luas melalui analisis urutan DNA dari satu atau beberapa gen (Deiner et al., 2017). Metagenomik digunakan untuk mempelajari keragaman filogenetik dan kelimpahan relatif gen konkret (penanda molekuler) dalam sampel lingkungan (Techtmann dan Hazen, 2016). Wilayah gen yang ditentukan ini memungkinkan identifikasi kelompok taksonomi yang berbeda. Penanda yang digunakan bervariasi tergantung pada jenis organisme yang sedang dianalisis (Tabel 1).

Tabel 1. Penanda molekuler primer yang digunakan dalam studi "*Metabarcoding*"

Kelompok Taksonomi	Marker	Primer yang Biasa Digunakan	Sumber Genom	Perkiraan jumlah aksesori
Hewan	COI	LCO1490/HCO2198	Mitokhondria	3017967
Tanaman	matK	390F dan 1326	Kloroplast	250985

	rbcL	rbcLa-F / rbcLa-R	Kloroplast	367787
	psbA-trnH	psbA3-f / trnHf_05	Kloroplast	119808
Bakteri	16S	Wilayah V3-V4	Ribosom	44377078
	rpoB	rpoB-f1 / rpoB-r1	Ribosom	1412251
	cpn60	H729 / H730	Ribosom	25739
Jamur	ITS	ITS1F/H730	Ribosom	42245580
	18S	EUKa/EukB	Ribosom	1319704

Bapak/ibu yang saya hormati,

Metagenomik dan Tata Guna Lahan

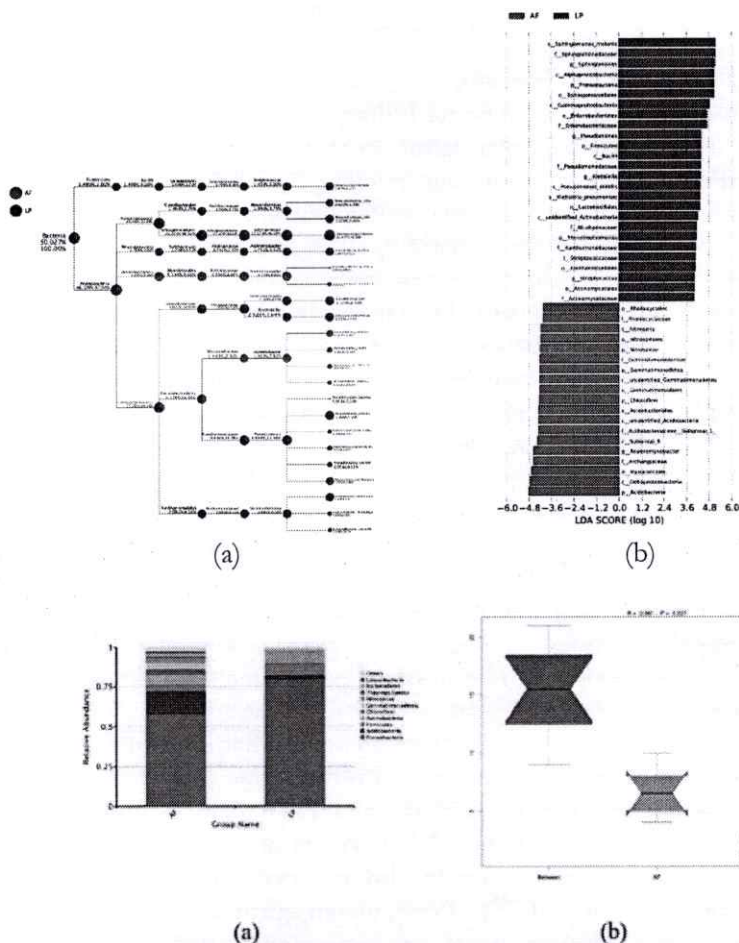
Komunitas mikroba tanah memiliki peran penting dalam penyediaan jasa ekosistem yang penting bagi kehidupan manusia, siklus karbon dan nutrisi, serta produktivitas tanaman (Doran dan Zeiss, 2000; Schimel dan Schaeffer, 2012; Nie et al., 2015). Fungsi ekosistem tanah sangat bergantung pada aktivitas dan kompleksitas komunitas mikroba, di mana aktivitas tersebut dipengaruhi oleh aspek fisik, kimia, dan biologi dari ekosistem tanah (Fierer et al., 2012).

Pola tutupan lahan dapat mengubah komunitas mikroba di dalam tanah serta fungsi ekosistem tanah termasuk siklus C (de Vries et al., 2013; Schimel dan Schaeffer, 2012; Mackelprang et al., 2011). Perubahan tutupan dan penggunaan lahan (LCLUC), yang didorong oleh aktivitas manusia seperti pertanian, urbanisasi, dan deforestasi, mengubah sifat-sifat tanah dan, akibatnya, struktur dan fungsi mikrobioma tanah juga berubah.

Perubahan karakteristik tanah akibat perubahan tutupan lahan berdampak penting terhadap komposisi komunitas bakteri, sebaliknya komposisi dan keanekaragaman komunitas bakteri sangat erat kaitannya dengan pH tanah, C total, dan rasio C/N (Wijayanti, 2015). Konversi ekosistem alami menjadi lahan pertanian dapat menyebabkan perubahan mikrobioma tanah, seperti dalam kasus tanah hutan yang diubah menjadi padang rumput yang menunjukkan keragaman bakteri dan jamur yang lebih tinggi dibandingkan dengan tanah hutan yang tidak terganggu (Navarrete et al., 2023). Penggunaan pupuk, pestisida, dan bahan kimia lainnya misalnya penggunaan pupuk nitrogen

jangka panjang, mengurangi kelimpahan filum *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria*, dan *Chloroflexi* (Xu et al., 2022).

Perubahan penggunaan lahan merupakan salah satu perubahan lingkungan yang paling penting dan dapat mengubah faktor lingkungan tanah, kondisi nutrisi, dan interaksi biologis, sehingga mempengaruhi komunitas mikroba (Engelhardt et al., 2018; Wang et al., 2019).



Gambar 3. Struktur Mikroba pada Berbagai Tata Guna Lahan

Konversi hutan menyebabkan penurunan kelimpahan dan keanekaragaman beberapa komunitas mikroba (Merloti dkk., 2019; Shrestha dkk., 2019), termasuk pula komunitas bakteri ((Drenovsky et al., 2010). Secara lebih spesifik, pemupukan dan herbisida, menghasilkan mikroorganisme tanah yang lebih beragam dengan redundansi fungsional yang lebih tinggi (Szoboszlay dkk., 2017; Santos dkk., 2020). Kegiatan pertanian, khususnya konversi lahan, dapat menyebabkan hilangnya keanekaragaman bakteri tanah. Namun, praktik-praktik seperti rotasi tanaman dapat membantu mempertahankan keanekaragaman hayati mikroba.

Priyadarshini et al. (2019) menemukan bahwa Proteobacteria adalah filum yang paling melimpah di semua jenis tutupan lahan. Hasil penelitian mengidentifikasi 2020 genera, dengan 1452 genera yang terbagi antara tutupan lahan wanatani (AF) dan lahan pertanian (LP) dengan produktivitas rendah. Keanekaragaman mikroba lebih tinggi di AF dibandingkan dengan LP, dengan kelompok dominan yang berbeda di antara keduanya. LP didominasi oleh *Sphingomonas*, sementara AF memiliki lebih banyak *Acidobacteria* dan *Deltaproteobacteria*. Temuan ini menunjukkan bahwa tutupan lahan mempengaruhi kelimpahan dan keanekaragaman mikroba tanah.

Perubahan metagenomik yang diamati pada komunitas mikroba tanah setelah perubahan penggunaan lahan:

1. Perubahan Fisikokimia Tanah: Pola penggunaan lahan memodifikasi sifat-sifat tanah seperti pH, ketersediaan unsur hara, dan kandungan bahan organik, yang pada gilirannya mempengaruhi struktur dan fungsi komunitas mikroba.
2. Interaksi Tanaman-Mikroba: Perubahan vegetasi akibat penggunaan lahan yang berbeda mempengaruhi kualitas dan kuantitas eksudat akar dan input serasah, sehingga mempengaruhi komposisi komunitas mikroba.
3. Rezim Gangguan: Praktek pertanian, seperti pengolahan tanah dan pemupukan, menimbulkan gangguan yang dapat mengganggu struktur tanah dan

habitat mikroba, yang menyebabkan pergeseran komposisi dan fungsi komunitas.

**Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati,
Peningkatan Kapasitas Metagenomik untuk Memperbaiki
Karakteristik Tanah melalui Penambahan Biochar**

Biochar, bahan kaya karbon yang berasal dari pirolisis biomassa, secara signifikan mempengaruhi komunitas mikroba tanah, mengubah metagenom tanah melalui berbagai mekanisme. Biochar, di dalam tanah, berfungsi sebagai habitat dan reservoir nutrisi bagi mikroba, memodifikasi keanekaragaman mikroba, komposisi, dan fungsionalitasnya (Lehmann et al., 2011). Struktur berpori biochar menyediakan tempat berlindung bagi mikroba, melindunginya dari tekanan lingkungan dan meningkatkan kolonisasi mikroba (Li et al., 2020). Selain itu, luas permukaan biochar dan kapasitas pertukaran kation yang tinggi meningkatkan retensi hara tanah, yang secara tidak langsung membentuk dinamika komunitas mikroba dengan mengatur ketersediaan hara (Zhao et al., 2022).

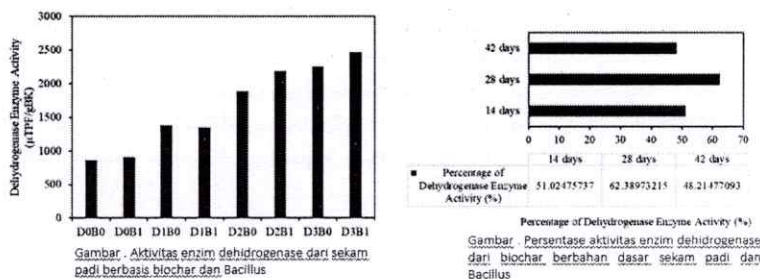
Sifat kimiawi biochar, pH, potensi redoks, dan kandungan senyawa organiknya, mendorong pergeseran metagenom mikroba tanah. Aplikasi biochar menyebabkan peningkatan pH tanah, sehingga mendukung taksa bakteri yang tumbuh subur pada kondisi yang tidak terlalu asam, seperti Actinobacteria dan Proteobacteria (Xu et al., 2021). Selain itu, biochar menyerap dan secara perlahan melepaskan senyawa organik labil yang berfungsi sebagai sumber karbon untuk metabolisme mikroba, mengubah ekspresi gen mikroba yang terkait dengan siklus karbon dan jalur degradasi (Jenkins et al., 2017). Nelissen et al. (2014) menunjukkan bahwa biochar dapat memodulasi kelimpahan gen yang terkait dengan siklus nitrogen, seperti gen yang mengkode enzim nitrifikasi dan denitrifikasi, sehingga mempengaruhi ketersediaan nitrogen di dalam tanah.

Struktur biochar merupakan faktor yang paling berpengaruh dalam meningkatkan total biomassa mikroba dan aktivitas aktinomisetes. Secara umum, peningkatan aktivitas mikroba dan pergeseran struktur komunitas akibat penambahan biochar akan

meningkatkan siklus hara tanah dan penyerapan karbon serta produksi tanaman.

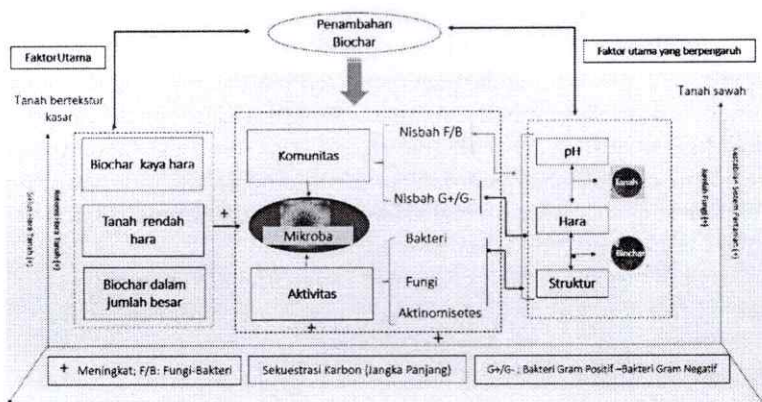
Studi metagenomik mengungkapkan bahwa aplikasi biochar dapat meningkatkan regulasi gen yang terlibat dalam sifat-sifat yang mendorong pertumbuhan tanaman, seperti pelarutan fosfat dan produksi siderofor (Joseph et al., 2020). Biochar mengurangi prevalensi mikroba patogen dengan mendukung taksa mikroba yang menguntungkan yang menghasilkan senyawa antimikroba atau mengalahkan patogen (Elzobair et al., 2016).

Selain siklus hara, pergeseran yang disebabkan oleh biochar pada komunitas mikroba juga berdampak pada aktivitas enzimatis tanah dan ekspresi gen fungsional. Biochar terbukti meningkatkan aktivitas enzimatis seperti dehidrogenase, β -glukosidase, dan urease, yang sangat penting untuk penguraian bahan organik dan mineralisasi unsur hara (Palansooriya et al., 2019). Hasil penelitian Priyadarshini et al. (2024) juga mengungkapkan hal yang sama seperti pada Gambar berikut.



Gambar 4. Dampak Biochar dan *Bacillus* sp. Terhadap Aktivitas Enzim Tanah

Dampak biochar terhadap perubahan metagenomik tanah, dipengaruhi jenis bahan baku dan suhu pirolisis biochar, serta kondisi tanah. Biochar bersuhu tinggi, memiliki stabilitas dan kapasitas serap yang lebih besar dibanding biochar bersuhu rendah (Liu et al., 2023). Pola interaksi biochar di tanah berpasir dan tanah lempung berbeda, sehingga diperlukan aplikasi spesifik lokasi untuk memaksimalkan manfaatnya, seperti digambarkan hasil penelitian berikut. (Gambar 5.)



Gambar 5. Dampak Biochar terhadap Karakteristik Tanah dan keberadaan Mikroba Tanah

Penambahan biochar secara signifikan meningkatkan rasio jamur tanah terhadap bakteri (F/B) dan rasio bakteri Gram positif terhadap bakteri Gram negatif (G+/G-), serta biomassa dan aktivitas mikroba. Nutrisi biochar dan sifat struktural (yaitu, luas permukaan dan porositas) memainkan peran penting dalam meningkatkan G+/G-, total biomassa mikroba, dan aktivitas bakteri, jamur, dan aktinomisetes (Leiyi et al., 2018).

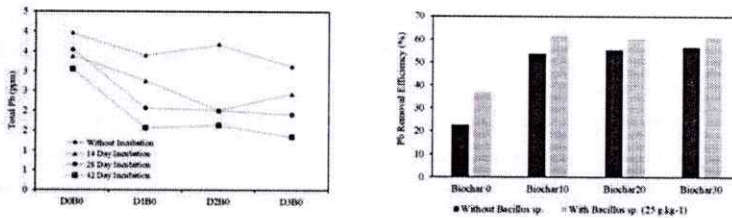
Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati, Implikasi Lingkungan dan Pertanian Berkelanjutan

Metagenomik, bermanfaat untuk bioremediasi tanah karena mampu mengungkap potensi fungsional komunitas mikroba yang terlibat dalam degradasi polutan. Metagenomik mengidentifikasi gen yang mengkode enzim yang bertanggung jawab untuk mengurai kontaminan, misalnya logam berat (Bello-Akinosho et al., 2021). Metode ini memungkinkan ditemukannya kelompok mikroba baru yang dapat direkayasa untuk tanah yang terkontaminasi untuk mempercepat proses bioremediasi (Aziz et al., 2022). Metagenomik fungsional mampu mengidentifikasi gen yang tahan terhadap logam, sehingga memungkinkan pemilihan strain mikroba yang mampu mengubah logam berat beracun menjadi bentuk yang tidak terlalu

berbahaya (Jin et al., 2023), sehingga produktivitas tanah meningkat (Priyadarshini et al., 2024).

The Elemental Composition of Biochar from Different Sources.

Weight (%)					
Elements	Cassava stem	Mangrove twigs	Rice husks	Coconut shell	
C	41.57	51.1	33.74	52.39	
N	8.92	15.19	4.71	22.41	
O	36.99	31.04	36.17	22.69	
Mg	2.21	0.47	0.31	0.43	
Al	2.08	0.96	0.68	0.48	
Si	1.39	0.36	23.35	0.29	
K	0.85	0.88	1.05	1.31	



Gambar 6. Dampak Pemberian Biochar dan *Bacillus* sp. Terhadap Logam Berat (Pb) di dalam Tanah

Dalam konteks perubahan iklim, analisis metagenomik dapat mengidentifikasi bakteri metanotrofik yang memiliki gen *pmoA* yang bertanggung jawab atas oksidasi metana (Kumar et al., 2022). Metagenomik juga dapat mengidentifikasi gen yang terlibat dalam siklus nitrogen, seperti gen yang mengkode enzim nitrifikasi (*amoA*) dan denitrifikasi (*nirK*, *nosZ*), yang secara langsung memengaruhi emisi dinitrogen oksida (N_2O) (Liu dkk., 2021). Dengan memahami potensi genetik mikrobioma tanah, kita dapat mengembangkan strategi untuk meningkatkan mikroba potensial yang dapat mengurangi emisi gas rumah kaca sekaligus mendorong penyerapan karbon di tanah.

Profil metagenomik memungkinkan identifikasi komunitas mikroba menguntungkan yang terkait dengan sifat-sifat yang mendorong pertumbuhan tanaman, seperti pelarutan fosfat, produksi siderofor, dan toleransi terhadap stres (Li et al., 2021). Kelompok mikroba ini dapat digunakan dalam pembuatan pupuk hayati dan pembenah tanah untuk mengurangi ketergantungan pada pupuk kimia, yang berkontribusi terhadap degradasi lingkungan dan emisi

gas rumah kaca (Jansson & Hofmockel, 2020). Selain itu, metagenomik membantu memantau pergeseran komposisi komunitas mikroba di bawah tekanan iklim.

**Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati,
Penutup**

Seiring dengan terus berkembangnya teknologi metagenomik, integrasinya dengan pendekatan omik lainnya, seperti metatranskriptomik dan metabolomik, akan memberikan pemahaman yang lebih komprehensif mengenai fungsi mikroba tanah dalam bioremediasi dan mitigasi perubahan iklim. Teknik bioinformatika dapat menganalisis hubungan gen mikroba dengan fungsi ekologi, sehingga memungkinkan pengembangan model prediktif untuk strategi restorasi tanah berbasis mikroba (Kleinteich et al., 2022). Namun, tantangan seperti kompleksitas data, kebutuhan akan metodologi terstandarisasi, dan pertimbangan etis terkait rekayasa mikroba harus diatasi untuk memaksimalkan potensi metagenomik dalam pengelolaan tanah yang berkelanjutan. Upaya penelitian di masa depan harus berfokus pada penerjemahan penemuan metagenomik ke dalam aplikasi skala lapangan, mendorong sistem pertanian yang lebih tangguh dan adaptif terhadap perubahan iklim.

Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati,

Demikian uraian sederhana tentang metagenomik tanah dan perannya dalam kesehatan tanah dan lingkungan. Semoga penelitian di bidang biologi dan ekologi tanah, khususnya melalui pemanfaatan teknik metagenomik semakin berkembang sehingga dapat mendorong kemajuan bangsa.

Ucapan Terimakasih dan Penghargaan

Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati,

Pada kesempatan yang berbahagia ini, ijinkan saya menyampaikan rasa Syukur atas segala Rahmat dan Karunia-NYA, atas kehendak dan Takdir-NYA, sehingga saya dapat meraih gelar Profesor/Guru Besar. Semoga saya dan keluarga selalu tetap bersyukur dan amanah untuk

mengamalkan ilmu yang saya miliki, untuk seluruh sivitas akademika, bangsa, dan negara.

Ucapan terimakasih dan penghargaan saya sampaikan kepada:

1. Menteri Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi Republik Indonesia, atas persetujuannya untuk mengangkat saya menjadi Profesor/Guru Besar
2. Dirjen DIKTI yang telah memberikan beasiswa BPPS untuk Program Magister dan Program Doktor
3. Rektor UPN Veteran Jawa Timur yang telah merekomendasikan untuk pengangkatan Profesor/Guru Besar
4. Ketua, Sekretaris, dan anggota Senat Universitas dan Fakultas Pertanian UPN Veteran Jawa Timur yang telah menyetujui usulan Guru Besar saya

Secara khusus, saya sampaikan terimakasih dan doa yang tulus kepada:

1. Ayahanda, (Alm) Prof. Dr. Nyoman Retig Adnyana, dan Ibunda Nif'ah, yang telah mendidik dengan penuh kasih sayang
2. (Alm) Ayah dan ibu mertua; Hamzah Kadir dan Djiba Turuy
3. Suami tercinta, Dr.Ir. Amir Hamzah, M.P. yang telah mendampingi dan mendukung aktivitas saya dengan kesabaran dan penuh tanggung jawab. Kepada putra putri saya, Vitra Puspita Dewi Hamzah, S.Ak., M.Ak dan Faiz Azhar Hamzah, yang mungkin sempat terabaikan saat saya menjalani studi dan aktivitas pekerjaan. Terimakasih atas pengertian, kesabaran, dan doa-doanya
4. Seluruh keluarga besar, saudara sekandung, kakak dan adik ipar, serta keponakan tersayang yang telah berjuang bersama dalam suka duka. Terimakasih atas kerjasama, ketulusan, doa, dan bantuan moril pada saya dan keluarga
5. Dekan, rekan sejawat, dan tenaga kependidikan di Fakultas Pertanian, khususnya Prodi Agroteknologi, peminatan Ilmu Tanah,UPN Veteran Jawa Timur, atas dukungan dan kebersamaan dalam kegiatan Tridharma.
6. Ketua Jurusan dan Prodi Agroteknologi, atas dukungan yang luar biasa

7. Tim Penelitian yang bekerja sama dengan sangat baik, Dr.Ir.Maroeto,M.P., Dr. Wahyu Santoso, SP., M.P., Dr. Silvana Nuherdiana, Fitri Wijayanti, S.P., M.P, Safira Rizka Lestari, SP. MP
8. Seluruh Tim LPPM yang tidak bisa saya sebut satu persatu, atas semangat pantang menyerah, dan kekompakan dalam menyelesaikan seluruh tugas
9. Ibu Prof. Kurniatun Hairiah Ph.D dan Bapak Prof. Eko Handayanto Ph.D selaku pembimbing thesis sehingga saya dapat meraih gelar Magister Pertanian
10. Ibu Prof. Kurniatun Hairiah Ph.D, dan Bapak Prof. Didik Suprayogo, Ph.D selaku Promotor dan Co-Promotor sehingga saya dapat meraih gelar Doktor Ilmu Pertanian

Bapak/ibu dan hadirin yang saya hormati,

Masih banyak pihak yang telah mendukung dan berperan dalam proses perjalanan akademik dan riset saya, yang mungkin terlewat dan tidak dapat saya sebutkan satu persatu. Untuk itu saya mohon maaf, dan menyampaikan ucapan terimakasih yang tak terhingga. Sekali lagi,

Terimakasih atas kepercayaan dan dukungan institusi, rekan sejawat, keluarga, dan semua pihak yang telah berperan dalam pencapaian jabatan akademik ini. Saya berharap amanah ini dapat saya laksanakan dengan sebaik-baiknya.

Akhir kata,

Semoga Allah S.W.T. senantiasa melimpahkan Rahmat kepada kita semua.

Amin ya Rabbal'amin.

Wassalamua'alaikum warahamatullohi wabarakatuh

Terimakasih

DAFTAR PUSTAKA

- Lehmann, J., Bossio, D. A., Kögel-Knabner, I., & Rillig, M. C. (2020). The concept and future prospects of soil health. *Nature Reviews Earth & Environment*, 1(10), 544-553.
- Bardgett, R. D., & van der Putten, W. H. (2014). Belowground biodiversity and ecosystem functioning. *Nature*, 515(7528), 505-511.
- Lal, R. (2021). Soil health and carbon management. *Food and Energy Security*, 10(1), e261.
- FAO (2015). Status of the World's Soil Resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- Fierer, N. (2017). Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome. *Nature Reviews Microbiology*, 15(10), 579-590.
- Zhou, X., Wang, X., Zhang, J., & Gurr, G. M. (2020). Soil microbiome and plant health: From mechanisms to application. *Annual Review of Phytopathology*, 58, 429-453.
- Smith, S. E., & Read, D. J. (2010). Mycorrhizal symbiosis. Academic press.
- Conant, R. T., Ryan, M. G., & Ågren, G. I. (2011). Temperature and soil organic matter decomposition rates—synthesis of current knowledge and a way forward. *Global Change Biology*, 17(11), 3392-3404.
- Mendes, R., Kruijt, M., de Bruijn, I., Dekkers, E., van der Voort, M., Schneider, J. H., ... & Raaijmakers, J. M. (2011). Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science*, 332(6033), 1097-1100.
- Nannipieri, P., Ascher, J., Ceccherini, M. T., Landi, L., Pietramellara, G., & Renella, G. (2012). Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 63(1), 12-26.
- Barrios, E. (2007). Soil biota, ecosystem services and land productivity. *Ecological Economics*, 64(2), 269-285.
- Garrido-Oter, R., Nakano, R. T., Dombrowski, N., Ma, K. W., Team, T. A., Mchardy, A. C., et al. (2018). Modular traits of the rhizobiales root microbiota and their evolutionary

- relationship with symbiotic rhizobia. *Cell Host Microbe* 24, 155–167.e5. doi: 10.1016/j.chom.2018.06.006
- Van der Heijden, M. G., Bardgett, R. D., & van Straalen, N. M. (2008). The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 11(3), 296–310.
- Torsvik, V., & Øvreås, L. (2002). Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. *Current Opinion in Microbiology*, 5(3), 240–245.
- Abram, F. (2015). Systems-based approaches to unravel multi-species microbial community functioning. *Comput. Struct. Biotechnol. J.* 13, 24–32. doi: 10.1016/j.csbj.2014.11.009
- Garrido-Oter, R., Nakano, R. T., Dombrowski, N., Ma, K. W., Team, T. A., Mchardy, A. C., et al. (2018). Modular traits of the rhizobiales root microbiota and their evolutionary relationship with symbiotic rhizobia. *Cell Host Microbe* 24, 155–167.e5. doi: 10.1016/j.chom.2018.06.006
- Handelsman, J. (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 68(4), 669–685.
- Quince, C., Walker, A. W., Simpson, J. T., et al. (2017). Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nature Biotechnology*, 35(9), 833–844.
- Kamble, A.; Sawant, S.; Singh, H. 16S ribosomal RNA gene-based metagenomics: A review. *Biomed. Res. J.* 2020, 7, 5.
- Quince, C.; Walker, A.W.; Simpson, J.T.; Loman, N.J.; Segata, N. Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nat. Biotechnol.* 2017, 35, 833–844.
- Vecherskii, M.V.; Semenov, M.V.; Lisenkova, A.A.; Stepankov, A.A. Metagenomics: A New Direction in Ecology. *Biol. Bull.* 2021, 48, S107–S117.
- Garber, A.I.; Zehnpfennig, J.R.; Sheik, C.S.; Henson, M.W.; Ramírez, G.A.; Mahon, A.R.; Halanych, K.M.; Learman, D.R. Metagenomics of Antarctic Marine Sediment Reveals Potential for Diverse Chemolithoautotrophy. *mSphere* 2021, 6, e00770–21.

- Nacke, H., Will, C., Herzog, S., Nowka, B., Engelhaupt, M., Daniel, R., 2011. Identification of novel lipolytic genes and gene families by screening of metagenomic libraries derived from soil samples of the German Biodiversity Exploratories. *FEMS Microbiology Ecology* 78(1), 188–201. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01088.x>
- Craig, J.W., Chang, F.Y., Kim, J.H., Obiajulu, S.C., Brady, S.F., 2010. Expanding Small Molecule Functional Metagenomics through Parallel Screening of Broad-Host-Range Cosmid Environmental DNA Libraries in Diverse Proteobacteria. *Applied and Environmental Microbiology* 76(5), 1633–1641. <https://doi.org/10.1128/AEM.02169-09>
- Kaushik, P., Singh Sandhu, O., Singh Brar, N., Kumar, V., Singh Malhi, G., Kesh, H., Saini, I., 2021. Soil Metagenomics: Prospects and Challenges. In *Mycorrhizal Fungi – Utilization in Agriculture and Industry*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.93306>
- Long, P.E., Williams, K.H., Hubbard, S.S., Banfield, J.F., 2016. Microbial Metagenomics Reveals Climate-Relevant Subsurface Biogeochemical Processes. *Trends in Microbiology* 24(8), 600–610. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2016.04.006>
- Navarrete, A.A., Aburto, F., González-Rocha, G., Guzmán, C.M., Schmidt, R., Scow, K., 2023. Anthropogenic degradation alter surface soil biogeochemical pools and microbial communities in an Andean temperate forest. *Science of the Total Environment* 854(1), 158508. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.158508>
- Xu, A., Li, L., Xie, J., Zhang, R., Luo, Z., Cai, L., Liu, C., Wang, L., Anwar, S., Jiang, Y., 2022. Bacterial Diversity and Potential Functions in Response to Long-Term Nitrogen Fertilizer on the Semiarid Loess Plateau. *Microorganisms* 10(8), 1579. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10081579>
- Bonomo, M.G., Calabrone, L., Scrano, L., Bufo, S.A., di Tomaso, K., Buongarzone, E., Salzano, G., 2022. Metagenomic monitoring of soil bacterial community after the construction of a crude oil flowline. *Environmental*

- Monitoring and Assessment 194(2), 48. <https://doi.org/10.1007/s10661-021-09637-3>
- Deiner, K., et al., 2017. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology* 26(21), 5872–5895. <https://doi.org/10.1111/mec.14350>
- Techtmann, S.M., Hazen, T.C., 2016. Metagenomic applications in environmental monitoring and bioremediation. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology* 43(10), 1345–1354. <https://doi.org/10.1007/s10295-016-1809-8>
- Doran, J.W., and Zeiss, M.R. (2000). Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. *Applied Soil Ecology*, 15, 3-11.
- Schimel, J.P., and Schaeffer, S.M. (2012). Microbial control over carbon cycling in soil. *Frontiers in Microbiology*, 33(1), 1-7.
- Nie, M., Bell, C., Wallenstein, M.D., and Pendall, E. (2015). Increased plant productivity and decreased microbial respiratory C loss by plant growth-promoting rhizobacteria under elevated CO₂. *Scientific Reports* 5.
- Mackelprang, R., Waldrop, M.P., De Angelis, K.M., David, M.M., Chavarria, K.L., Blazewicz, S.J., Rubin, E.M., and Jansson, J.K. (2011). Metagenomic analysis of a permafrost microbial community reveals a rapid response to thaw. *Nature*, 480, 368-U120.
- de Vries, F.T., Thebault, E., Liiri, M., Birkhofer, K., Tsiafouli, M.A., Bjornlund, L., Jorgensen, H.B., Brady, M.V., Christensen, S., de Ruiter, P.C., d'Hertefeldt, T., Frouz, J., Hedlund, K., Hemerik, L., Hol, W.H.G., Hotes, S., Mortimer, S.R., Setälä, H., Sgardelis, S.P., Uteseny, K., van der Putten, W.H., Wolters, V., and Bardgett, R.D. (2013). Soil food web properties explain ecosystem services across European land cover systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110, 14296-14301.
- Wijayanti, M. (2015). Bacterial Diversity and Lipase Producing Bacteria in Forest and Oil Palm Plantation in Jambi. Dissertation. IPB: Bogor.

- Engelhardt, I. C., Welty, A., Blazewicz, S. J., Bru, D., Rouard, N., Breuil, M. C., et al. (2018). Depth matters: effects of precipitation regime on soil microbial activity upon rewetting of a plant-soil system. *ISME J.* 12, 1061–1071.doi: 10.1038/s41396-018-0079-z
- Wang, D., Huang, X. D., Qiao, N., Geng, Q. L., Liu, Y. Z., Song, H. Q., et al. (2021). Effects of mowing and fertilization on soil quality in a semiarid grassland of North China. *Land Degrad. Dev.* 32, 1656–1666.doi: 10.1002/ldr.3783
- Merloti, L. F., Mendes, L. W., Pedrinho, A., de Souza, L. F., Ferrari, B. M., and Tsai, S. M. (2019). Forest-to-agriculture conversion in Amazon drives soil microbial communities and N-cycle. *Soil Biol. Biochem.* 137:107567.doi: 10.1016/j.soilbio.2019.107567
- Shrestha, P., Gautam, R., and Ashwath, N. (2019). Effects of agronomic treatments on functional diversity of soil microbial community and microbial activity in a revegetated coal mine spoil. *Geoderma* 338, 40–47.doi: 10.1016/j.geoderma.2018.11.038
- Drenovsky, R. E., Steenwerth, K. L., Jackson, L. E., and Scow, K. M. (2010). Land use and climatic factors structure regional patterns in soil microbial communities. *Global Ecol Biogeogr.* 19, 27–39.doi: 10.1111/j.1466-8238.2009.00486.x
- Szoboszlay, M., Dohrmann, A. B., Poeplau, C., Don, A., and Tebbe, C. C. (2017). Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe. *FEMS Microbiol. Ecol.* 93:fix146.doi: 10.1093/femsec/fix146
- Santos, S. S., Scholer, A., Nielsen, T. K., Hansen, L. H., Schlöter, M., and Winding, A. (2020). Land use as a driver for protist community structure in soils under agricultural use across Europe. *Sci. Total Environ.* 717:137228.doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137228
- Priyadarshini, R., Syafriani, E., Somala, M. U. A. and Hamzah, A. (2019). Metagenomic sequencing analysis and microbial identification on various landcover. 4th International

- Seminar of Research Month. NST Proceedings. pages 533-543. doi: 10.11594/nstp.2019.0471.
- Lehmann, J., Rillig, M. C., Thies, J., Masiello, C. A., Hockaday, W. C., & Crowley, D. (2011). *Biochar effects on soil biota – A review*. Soil Biology and Biochemistry, 43(9), 1812-1836.
- Li, H., Dong, X., Zou, X., & Zhang, Y. (2020). *Biochar amendments influence soil microbial community assembly and metabolic potential*. Applied Soil Ecology, 154, 103610.
- Zhao, Y., Xia, Y., Ti, C., Zhang, W., & Yan, X. (2022). *Biochar effects on soil microbial community and nutrient cycling: A meta-analysis*. Science of the Total Environment, 816, 151614.
- Xu, H., Chen, H., Zhang, C., He, J., & Xie, H. (2021). *Biochar drives shifts in microbial communities and their functional genes in acidic soils*. Science of the Total Environment, 794, 148750.
- Jenkins, J. R., Viger, M., Arnold, E. C., Harris, Z. M., Ventura, M., Miglietta, F., & Quilliam, R. S. (2017). *Biochar alters the soil microbiome and soil function: Results of next-generation amplicon sequencing across Europe*. GCB Bioenergy, 9(3), 591-612.
- Nelissen, V., Rütting, T., Huygens, D., Staelens, J., Ruyschaert, G., & Boeckx, P. (2014). *Maize biochars accelerate short-term soil nitrogen dynamics in a loamy sand soil*. Soil Biology and Biochemistry, 79, 212-222.
- Joseph, S., Graber, E. R., Chia, C. H., Munroe, P., Donne, S., Thomas, T., & Lin, Y. (2020). *Shifts in microbial community structure and function in biochar-amended soils: A metagenomic analysis*. Agronomy, 10(9), 1342.
- Elzobair, K. A., Stromberger, M. E., Ippolito, J. A., & Lentz, R. D. (2016). *Contrasting effects of biochar on hydrolytic enzyme activities in two different soils*. Biology and Fertility of Soils, 52(3), 321-332.
- Palansooriya, K. N., Ok, Y. S., Awad, Y. M., Lee, S. S., Sung, J. K., Koutsospyros, A., & Moon, D. H. (2019). *Impacts of biochar application on upland agriculture: A review*. Journal of Environmental Management, 234, 52-64.
- Priyadarshini, R., Silvana Dwi Nurherdiana, Bella Agit Solekhah, Amir Hamzah, Evaluation of biochar and Bacillus sp. amendments on lead polluted land: Dehydrogenation

- enzyme and Pb availability studies, *Environmental Challenges*, Volume 14, 2024, 100819
- Liu, X., Wang, Y., Wang, J., & Yang, H. (2023). *Effects of high- and low-temperature biochar on soil microbial diversity and function in different soil types*. *Journal of Environmental Management*, 336, 117628.
- Leiyi Zhang, Yiming Jing, Yangzhou Xiang, Renduo Zhang, Haibo Lu. (2018). Responses of soil microbial community structure changes and activities to biochar addition: A meta-analysis, *Science of The Total Environment*, Volume 643, 2018, Pages 926-935.
- Bello-Akinosho, M., Swanevelder, D. Z. H., Adeleke, R., & Bezuidenhout, C. C. (2021). *Harnessing soil metagenomics for bioremediation: Prospects and challenges*. *Science of the Total Environment*, 798, 149308.
- Aziz, I., Stefani, F. O. P., Nautiyal, C. S., & Bertrand, H. (2022). *Metagenomics-driven bioremediation: Advances and challenges*. *Environmental Science and Pollution Research*, 29, 36512-36529.
- Kumar, V., Sinha, R., & Kour, D. (2022). *Microbial methane oxidation in soils: Metagenomic insights and biotechnological approaches for mitigation strategies*. *Applied Soil Ecology*, 174, 104424.
- Liu, C., Wang, W., Wang, L., Shi, X., & Wu, Y. (2021). *Soil metagenomic analyses reveal nitrogen cycle microbial communities and functional genes in different agroecosystems*. *Environmental Research*, 195, 110819.
- Li, F., Chen, L., Zhang, J., Yin, J., & Lin, X. (2021). *Metagenomic insights into microbial functions related to plant growth promotion and adaptation to climate change*. *Science of the Total Environment*, 759, 143502.
- Jansson, J. K., & Hofmockel, K. S. (2020). *Soil microbiomes and climate change*. *Nature Reviews Microbiology*, 18(1), 35-46.

RIWAYAT HIDUP

1.	Nama Lengkap	Prof. Dr. Ir. Rossyda Priyadarshini, MP
2.	Jenis Kelamin	Perempuan
3.	Jabatan Fungsional	Profesor
4.	NIP	196703191991032001
5.	NIDN	0019036710
6.	Tempat dan Tanggal lahir	Sampang, 19 Maret 1967
7.	Email	rossyda.p@upn-jember.ac.id
8.	No Telepon / HP	0812-3333-3333
9.	Alamat Kantor	Jl.Raya Rungkut Madya Gunung Anyar Surabaya
10.	No Telepon/Faks	
11.	ID Sinta/Scopus Author ID	5987548 /57219515266
12.	Link Google Scholar	https://scholar.google.co.id/citations?user=PrpcBnMAAAA&hl=en

A. Riwayat Pendidikan

Keterangan	S-1	S-2	S-3
Nama Perguruan Tinggi	Institut Pertanian Bogor	Universitas Brawijaya-Malang	Universitas Brawijaya-Malang
Bidang Ilmu	Ilmu Tanah	Pengelolaan Tanah dan Air	Ilmu Pertanian
Tahun masuk-Lulus	1984-1990	1996-1999	2007-2012
Judul Skripsi-Tesis-Disertasi	Fraksionasi Fosfat pada Toposekuen	Estimasi Modal C (C-stock), Masukan Bahan Organik, dan Hubungannya dengan Populasi Cacing Tanah pada Sistem Wanatani	Layanan Ekosistem Agroforestri Kopi
Pembimbing/Promotor	Ir. Tatat Sutarman Abdullah	Prof.Ir. Kurniatun Hairiah, PhD	Prof.Ir. Kurniatun Hairiah, PhD

B. Riwayat Jabatan

No	Jabatan	Tahun
1	Kepala Pusat Publikasi dan HKI LPPM UPN Veteran Jawa Timur	2017-2019
2	Sekretaris LPPM UPN Veteran Jawa Timur	2019-2023
3	Kepala LPPM UPN Veteran Jawa Timur	2023 - sekarang

	Dehydrogenation Enzyme and Pb availability studies		
10	Assessment of Land Resources Evaluation Based On Land Capacity And Fertility Perspectives For Agricultural Commodities In Lesti Sub-Watershed	Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture,	Volume 16, No 2 2024
11	The Use of Chitosan-coated biochar for the improvement of heavy metals-contaminated soil and healthy food products	Journal of Degraded and Mining Lands Management	Vol 12, No 2 2025

E. Karya Buku dalam 5 Tahun Terakhir

No	Judul Buku	Tahun	Penerbit
1	Kesuburan Tanah	2017	Gosyen
2	Remediasi Tanah Tercemar Logam Berat	2019	Unitri Press
3	Plant Diversity in Biocultural Landscapes – Book Chapter Judul : Morphological Diversity of Kopyor coconut in Indonesia	2023	Springer Nature Ptd Ltd (PMN)
4	BUKU : Plant Diversity in Biocultural Landscapes – Book Chapter Judul : The Dynamics of Soil Microbiome upon Anthropogenic Changes in Plant Diversity and Land Management Practices	2023	Springer Nature Ptd Ltd (PMN)
5	Biochar : Mitigasi Perubahan Iklim dan Restorasi Tanah	2024	Deepublish

F. Hak Kekayaan Intelektual yang Dihasilkan

No	Judul/ Tema HKI	Tahun	Jenis	Nomor P/ID
1	Pengemas Botol Hemat Energi	2019	Disain Industri	A00202000001/ IDD000057813
2	Metode Pembuatan Bahan Pembenah Tanah(Soil Amendments) untuk Regenerasi Tanah Tailing	2020	Paten sederhana	IDS000003 404
3	Formula Pembenah Tanah Biochar Terlapis Humat (BCoH)	2023	Paten sederhana	IDS000005571
4	Rakitan Hidrogonik Padi	2022	Disain Industri	A00202201675 /IDD000064107
5	Mesin Granula Merah Berbasis Kontrol Cerdas	2023	Disain Industri	A00202203049/ IDD000067167
6	Formula Biochar Nanoenkapsulasi Bakteri Pseudomonas	2025	Paten Sederhana	S00202416085

C. Pengalaman Penelitian

No.	Judul Penelitian	Sumber
2019	Eksplorasi Metagenome DNA Tanah untuk Rehabilitasi Lahan Terdegradasi	Penelitian Dasar-DIKTI
2021	Fitotoksitas Lahan Tercemar dengan Biochar Coated Humat (BCH) untuk Menghasilkan Pangan yang Sehat dan Berkelanjutan	Penelitian Terapan-DIKTI
2022-2023	Assessment of Soil Enzymes, Antioxidant Activity and Content of <i>Piper Belle</i> Under Salinity Stress	UPN Veteran Jawa Timur
2023	Inventarisasi Keragaan Genetik Tanaman Untuk Pengembangan Klon Tebu Tahan Kering Produktivitas Tinggi	UPN Veteran Jawa Timur
2023-2024	Mikroorganisme Terimobilisasi Biochar Untuk Mitigasi Cekaman Garam	DRTPM
2024	Mitigating Salt Stress : Linkage Of Plant-Microbes-Phytohormone-Genetic Approach	UPN Veteran Jawa Timur

D. Karya Ilmiah selama 5 Tahun Terakhir

No	Judul Artikel Ilmiah	Nama Jurnal	Volume/ Nomor/Tahun
1.	Growth performance and biomass production of <i>Eleusine indica</i> and <i>Rorippa sylvestris</i> on heavy metal contaminated soil after biochar application	Journal of Degraded Land Mining Management	Volume 7, No 4 2020
2	Metagenomic Sequencing Analysis and Microbial Identification on Various Landcover	Nst Proceeding 4 th International Seminar of Research Month	Mei 2020
4	Integration gis and multicriteria analysis critical land farming in welang watershed	Bulgarian Journal of Agricultural Science	Volume 27, No 2 2021
5	The potential use of humic acid-coated biochar for reducing Pb and Cu in the soil to improve plant growth	Journal of Degraded and Mining Lands Management	Volume 10, No 1 2022
6	Accumulation of betacyanin in <i>Hylocereus undatus</i> rind: Pigment stability analysis and its role in xanthine oxidase inhibition	Phytomedicine Plus	Volume 2, No. 1 2022
7	Identify agricultural commodities in the midlands of the Welang watershed based on social perception	International Journal of Chemical and Biochemical Sciences	Volume 22, No 2 2022
8	Tree diversity and social-ecological resilience of agroforestry after volcanic ash deposition in Indonesia	Sustainable Science Springer, Elsevier	Volume 18, 2023
9.	Evaluation of Biochar and <i>Bacillus</i> sp amendments on lead polluted land.	Environmental Challenges, Elsevier	2024