

ABSTRACT

Exobasidium vexans is an obligate parasitic fungus and one of the most detrimental pathogens in most tea plantations in Asia. It can cause yield loss up to 50% if not controlled. Various controls have been carried out in various ways, such as using organic fungicides, chemical fungicides, and use of resistant clones. However, this disease management has an impact on the environment and human nearby, and resistant clone will become susceptible over time due to pathogen mutations. Therefore, information about genetic diversity is necessarily needed to develop disease management and describe the evolution of pathogens in the future. Knowledge about the effect of location and host on the genetic diversity of *E. vexans* is the aim of this study. Molecular identification was carried out using ITS-1F and ITS-4. Genetic diversity analysis was performed using RFLP and RAPD. The results of DNA sequences obtained showed that the sample was confirmed to be 100% similar to *E. vexans*. The results of RFLP using BspTI, Bsu15I, EcoRI, HinfI, and Mph1103I showed that the restriction enzymes used in this study did not show any genetic diversity. The results of RAPD using 10-mer primers (OPA-02, OPA-03, OPA-04, OPA-06, OPB-17, dan OPD-03) showed high genetic diversity between samples in different locations and hosts.

Keywords: *Exobasidium vexans*, molecular identification, genetic diversity, ITS, PCR-RFLP, RAPD-PCR.



ABSTRAK

Exobasidium vexans merupakan patogen yang bersifat parasit obligat, infeksiya dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga 50% apabila tidak dikendalikan. Upaya pengendalian telah banyak dilakukan dengan berbagai macam cara, seperti pengendalian menggunakan fungisida organik, fungisida kimia, dan pelepasan klon tahan. Akan tetapi, upaya pengendalian ini mempunyai dampak terhadap lingkungan dan manusia yang menkonsumsinya, serta ketahanan klon akan terpatahkan seiring berjalannya waktu akibat dari mutasi patogen. Oleh karena itu, informasi mengenai keragaman genetik diperlukan untuk menyusun strategi pengendalian dan menggambarkan evolusi patogen. Mengetahui pengaruh lokasi dan inang terhadap keragaman genetik *E. vexans* merupakan tujuan dari penelitian ini. Identifikasi molekuler dilakukan dengan menggunakan primer ITS-1F dan ITS-4. Uji keragaman genetik dilakukan dengan menggunakan penanda RFLP dan RAPD. Hasil sekuens DNA yang didapat menunjukkan sampel yang digunakan terkonfirmasi 100% *E. vexans*. Hasil RFLP menggunakan BspTI, Bsu15I, EcoRI, HinfI, dan Mph1103I menunjukkan enzim restriksi yang digunakan tidak dapat menunjukkan adanya keragaman genetik. Hasil RAPD menggunakan primer RAPD (OPA-02, OPA-03, OPA-04, OPA-06, OPB-17, dan OPD-03) menunjukkan keragaman genetik yang tinggi antara sampel dengan lokasi dan sampel dengan inang.

Kata kunci: *Exobasidium vexans*, identifikasi molekuler, keragaman genetik, ITS, PCR-RFLP, RAPD-PCR.