

INTISARI

Asian citrus psyllid (ACP), *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptera : Liviidae) merupakan hama tanaman Rutaceae yang sangat merusak, terutama pada tanaman jeruk di berbagai dunia karena menjadi agen penyebab penyakit Huanglongbing (HLB) melalui aktivitasnya makan dengan menjadi vektor yang membawa bakteri *Candidatus Liberibacter asiaticus*. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui kekerabatan dan keragaman genetik di antara populasi *D. citri* pada sentra produksi Jeruk di Indonesia serta melakukan deteksi secara molekuler bakteri endosimbion yang berasosiasi dengan *D. citri* menggunakan gen target. Dalam penelitian ini, software MEGA digunakan untuk menggambarkan hubungan filogenetik di antara semua populasi *D. citri*, sedangkan keragaman genetik dihitung dengan DnaSP v6.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa meskipun *D. citri* berasal dari lokasi yang berbeda, seperti Bengkulu yang geografisnya jauh dari Cianjur, keduanya memiliki kekerabatan dekat. Hal yang menarik adalah, meskipun Bengkulu dan Cianjur memiliki perbedaan signifikan dalam cuaca dan iklim, kekerabatan tetap terlihat. Temuan serupa ditemukan pada *D. citri* asal Kalimantan dan *D. citri* wilayah Yogyakarta populasi Laboratorium. Meskipun geografisnya tidak berdekatan, kekerabatan tetap terlihat. Selain itu, *D. citri* asal Bengkulu, Yogyakarta populasi Lapangan, dan wilayah Bogor juga terhubung ke *D. citri* asal Pakistan. Analisis haplotype menunjukkan tingginya keragaman dengan nilai haplotype diversity (Hd) sebesar 0,94 dan nucleotide diversity sebesar 0,00405. Sementara itu, uji analisis keragaman haplotype pada *D. citri* asal US dan Asia menghasilkan keragaman sedang, dengan nilai masing-masing 0,53 dan 0,600. Secara keseluruhan, struktur populasi menunjukkan tingkat kekerabatan yang rendah antar kelompok tersebut. Informasi ini diharapkan dapat menjadi informasi awal yang digunakan untuk mengembangkan pengendalian *D. citri* dengan memodifikasi bakteri-bakteri endosimbion yang terbukti menguntungkan *D. citri*.

Kata kunci :

Diaphorina citri, Endosimbion, Keragaman genetik, Haplotype, Filogenetik

ABSTRACT

The Asian citrus psyllid (ACP), *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptera: Liviidae), is a highly destructive pest of Rutaceae plants, particularly citrus crops worldwide, as it serves as a vector transmitting the bacterium *Candidatus Liberibacter asiaticus* and causing Huanglongbing (HLB) disease through its feeding activities. This research was conducted to elucidate the genetic relatedness and diversity among *D. citri* populations in citrus production centers in Indonesia, as well as to molecularly detect endosymbiotic bacteria associated with *D. citri* using a specific gene target. The MEGA software was employed to illustrate the phylogenetic relationships among all *D. citri* populations, while genetic diversity was calculated using DnaSP v6.

The results of this research indicate that despite the diverse origins of *D. citri*, such as Bengkulu, which is geographically distant from Cianjur, they exhibit close kinship. Notably, despite significant differences in weather and climate between Bengkulu and Cianjur, their close kinship persists. Similar findings were observed between *D. citri* from Kalimantan and the Yogyakarta Laboratory population, despite their disparate geographical locations. Furthermore, *D. citri* from Bengkulu, the Yogyakarta Field population, and the Bogor region are also linked to *D. citri* from Pakistan. Haplotype analysis reveals high diversity, with haplotype diversity (Hd) at 0.94 and nucleotide diversity at 0.00405. Meanwhile, the analysis of haplotype diversity in *D. citri* from the US and Asia indicates moderate diversity, with values of 0.53 and 0.600, respectively. Overall, the population structure suggests a low level of relatedness among these groups. This information is expected to serve as preliminary data for developing *D. citri* control strategies by modifying beneficial endosymbiotic bacteria associated with *D. citri*.

Keywords :

Diaphorina citri, Endosymbiont, Genetic Diversity, Haplotype, Phylogenetic.