

INTISARI

Kutu loncat (*Diaphorina citri*) (*Hemiptera:Liviidae*) merupakan vektor utama dari penyakit Huanglongbing yang disebabkan oleh bakteri *Candidatus Liberibacter Asiaticus* (CLas). Kerusakan akibat penyakit Huanglongbing menimbulkan kerugian yang besar dan menyebabkan kematian pada tanaman jeruk. Dalam proses fisiologisnya *Diaphorina citri* memiliki hubungan dengan bakteri endosimbion yang berpengaruh pada penyerapan nutrisi, adaptasi lingkungan, sistem kekebalan tubuh, perlindungan terhadap mikroorganisme lain dan predator. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi keberadaan bakteri endosimbion pada *Diaphorina citri* populasi Laboratorium dan populasi Lapangan. Pengambilan sampel dilakukan pada Greenhouse Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada. Deteksi dilakukan menggunakan primer LCO1490/HCO2198. Deteksi bakteri endosimbion menggunakan primer 16S rRNA *Pantoea*. Analisis sekuens dan kekerabatan dilakukan menggunakan software MEGA 11, Bioedit, Geneious dan BLAST. Hasil deteksi molekuler mendeteksi adanya keberadaan *Pantoea sp* pada *Diaphorina citri* yang diteliti dengan analisis lanjutan menggunakan metode *in silico*. Hasil analisis sekuens nukleotida menunjukkan bahwa terdapat 8 titik perbedaan pada seluruh sampel dan 2 titik perbedaan pada analisis sekuens asam amino. Hasil analisis filogenetik mengungkapkan bahwa sampel populasi laboratorium dan populasi lapangan memiliki kekerabatan yang erat sehingga membentuk *ingroup* yang berdekatan. Data dan informasi dari hasil penelitian ini dapat digunakan sebagai sumber informasi terkait bakteri endosimbion pada *Diaphorina citri* yang bermanfaat dalam program pengelolaan serangga vektor *Diaphorina citri*.

Kata kunci: bakteri endosimbion, deteksi molekuler, analisis sekuens, filogenetika.

Abstract

*Asian citrus Psyllid (*Diaphorina citri*) (Hemiptera:Liviidae) is the main vector of Huanglongbing disease caused by the bacterium *Candidatus Liberibacter Asiaticus* (CLas). Damage caused by HLB disease causes great losses and causes death in citrus plants. In its physiological process, *Diaphorina citri* has a relationship with endosymbion bacteria which affects nutrient absorption, environmental adaptability, immune system, protection against other microorganisms and predators. This study aims to detect the presence of endosymbion bacteria in *Diaphorina citri* in the laboratory population and the field population. Sampling was carried out in the Greenhouse of the Faculty of Agriculture, Gadjah Mada University. Detection is carried out using LCO1490/HCO2198 primer. Detection of endosymbion bacteria using 16S rRNA *Pantoea* primer. Sequence and kinship analysis was carried out using MEGA 11, Bioedit, Geneious and BLAST software. The results of molecular detection detected the presence of *Pantoea* sp in *Diaphorina citri* which was studied with advanced analysis using the in-silico method. The results of nucleotide sequence analysis showed that there were 8 points of difference in all samples and 2 points of difference in amino acid sequence analysis. The results of phylogenetic analysis revealed that the laboratory population and the field population were closely related so that they formed adjacent ingroups. The data and information from the results of this study can be used as a source of information related to endosymbion bacteria in *Diaphorina citri* which is useful in the *Diaphorina citri* vector insect management program.*

Keywords: endosymbion bacteria, molecular detection, sequence analysis, phylogenetic