

INTISARI

Nematoda puru akar *Meloidogyne* merupakan salah satu nematoda parasit tanaman sayuran yang paling merugikan. Pengambilan sampel dilakukan secara *purposive* di lahan sayuran di 22 titik lokasi di Jawa Tengah, meliputi Kabupaten Magelang, Wonosobo, Banjarnegara, Boyolali, dan Klaten. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui spesies *Meloidogyne* yang ditemukan dan bagaimana hubungan filogenetik, keragaman genetik, dan struktur populasi *M. incognita* di Jawa Tengah. Diagnosis molekuler dengan primer spesifik spesies Mi2F4/Mi1R1, Fjav/Rjav, Far/Rar, Me-F/Me-R menunjukkan terdapat dua spesies yang ditemukan yaitu *M. incognita* dan *M. arenaria*. Analisis keragaman genetik *M. incognita* pada daerah SCAR Mi2F4/Mi1R1 dilakukan pada 14 sampel. AMOVA menunjukkan tidak adanya keragaman yang signifikan berdasarkan lokalitas, tanaman inang, dan tekstur tanah. Variasi genetik cenderung lebih banyak terjadi di dalam populasi dibanding antarpopulasi, yaitu sebesar 93,69%; 107,92%; dan 99,64%, dengan nilai indeks fiksasi (F_{st}) yang rendah yaitu 0,06314; -0,07918; dan 0,00357 berturut-turut untuk populasi berdasarkan lokalitas, tanaman inang, dan tekstur tanah. Nilai indeks fiksasi (F_{st}) yang rendah menunjukkan adanya aliran genetik antarpopulasi *M. incognita* di Jawa Tengah yang terjadi karena adanya persebaran dan perkawinan. Penemuan ini memberikan pemahaman tentang populasi *M. incognita* serta informasi untuk pengembangan strategi untuk mengendalikan nematoda puru akar sebagai hama tanaman sayuran.

Kata kunci : *Meloidogyne*, *Meloidogyne incognita*, SCAR primer, keragaman genetik, struktur populasi, AMOVA

ABSTRACT

*The root-knot nematode *Meloidogyne* is one of the most harmful parasitic nematodes of vegetable crops. Sampling was conducted purposively in vegetable fields in 22 locations in Central Java, including Magelang, Wonosobo, Banjarnegara, Boyolali, and Klaten districts. This study was conducted to determine the *Meloidogyne* species found and how the phylogenetic relationship, genetic diversity, and population structure of *M. incognita* in Central Java. Molecular diagnosis with species-specific primers *Mi2F4/Mi1R1*, *Fjav/Rjav*, *Far/Rar*, *Me-F/Me-R* showed there were two species found, i.e. *M. incognita* and *M. arenaria*. Genetic diversity analysis of *M. incognita* in the SCAR *Mi2F4/Mi1R1* region was conducted on 14 samples. AMOVA showed no significant diversity based on locality, host plant, and soil texture. Genetic variation tended to occur more within populations than between populations, which amounted to 93.69%; 107.92%; and 99.64%, with low fixation index (*Fst*) values of 0.06314; -0.07918; and 0.00357 for populations based on locality, host plant, and soil texture, respectively. Low fixation index (*Fst*) values indicate the existence of genetic flow between *M. incognita* populations in Central Java that occurs due to dispersal and mating. These findings provide an understanding of *M. incognita* populations as well as information for the development of strategies to control root-knot nematode as a pest of vegetable crops.*

*Keywords: *Meloidogyne*, *Meloidogyne incognita*, SCAR primer, genetic diversity, population structure, AMOVA*