



INTISARI

Jeruk (*Citrus* spp.) merupakan komoditas hortikultura yang banyak diperdagangkan di Indonesia. Pulau Jawa merupakan salah satu pemasok jeruk baik untuk kebutuhan dalam negeri maupun sebagai kebutuhan ekspor. Namun, dalam budidayanya terdapat berbagai macam hambatan seperti serangan hama dan penyakit tanaman jeruk. Penyakit antraknosa merupakan salah satu penyakit penting pada tanaman jeruk yang mempengaruhi produksi jeruk baik prapanen dan pascapanen. Penyakit antraknosa disebabkan oleh jamur *Colletotrichum* spp. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengkarakterisasi *Colletotrichum* spp. penyebab penyakit itu antraknosa di Jawa, berdasarkan pendekatan polifasik yang menggabungkan variasi genetik berdasarkan rep-PCR, karakter morfologi, virulensi, serta analisis multigen menggunakan primer ITS, GAPDH, aktin, β -tubulin, dan ApMat. Hasil eksplorasi didapatkan 12 sampel daun jeruk bergejala antraknosa. Karakterisasi molekuler dengan rep-PCR menunjukkan pita DNA polimorfisme teramplifikasi dari 300 bp hingga 3000 bp. Terbentuk 4 grup berdasarkan koefisien kemiripan 70%. Isolasi grup 1 hanya terdiri satu isolat yaitu PRG. Grup 2 terdiri atas dua isolat yaitu KBM dan BLT. Grup 3 terdiri atas dua isolat yaitu BDG dan DPK. Grup 4 terdiri atas dua isolat yaitu WGR dan WSB. Tujuh isolat representatif terpilih dari hasil dendrogram UPGMA rep-PCR berdasarkan koefisien kemiripan 60% dilanjutkan dengan identifikasi molekuler. Hasil identifikasi molekuler menunjukkan bahwa isolat PRG dan DPK identik dengan *C. siamense* dan isolat WGR, KBM, WSB, BDG, dan BLT identik dengan *C. gloeosporioides*. Semua isolat menunjukkan adanya variasi morfologi. Hasil uji virulensi menunjukkan semua isolat patogenik terhadap daun jeruk manis, dengan isolat WSB merupakan isolat paling agersif.

Kata kunci: Antraknosa, *C. gloeosporioides*, *C. siamense*, jeruk, multigen



ABSTRACT

Citrus (*Citrus* spp.) is a horticultural commodity that is widely traded in Indonesia. Java Island is one of the major suppliers of oranges, both for domestic consumption and for export needs. However, various obstacles exist in its cultivation, such as pest and disease attacks on orange plants. Anthracnose disease is one of the most important diseases affecting orange plants, impacting both pre-harvest and post-harvest production. Anthracnose is caused by the fungus *Colletotrichum* spp. This study aims to identify and characterize *Colletotrichum* spp. responsible for anthracnose disease in Java, using a polyphasic approach that combines genetic variation based on rep-PCR, morphological characteristics, virulence, and multigene analysis using primers ITS, GAPDH, actin, β -tubulin, and ApMat. Exploration results revealed 12 samples of orange leaves showing anthracnose symptoms. Molecular characterization with rep-PCR showed amplified DNA polymorphic bands ranging from 300 bp to 3000 bp. Four groups were formed based on a 70% similarity coefficient. Group 1 consists of a single isolate, PRG. Group 2 consists of two isolates, KBM and BLT. Group 3 consists of two isolates, BDG and DPK. Group 4 consists of two isolates, WGR and WSB. Seven representative isolates were selected from the UPGMA dendrogram of rep-PCR based on a 60% similarity coefficient and then subjected to molecular identification. The molecular identification results showed that the PRG and DPK isolates were identical to *C. siamense*, while WGR, KBM, WSB, BDG, and BLT isolates were identical to *C. gloeosporioides*. All isolates exhibited morphological variation. The virulence test results showed that all isolates were pathogenic to sweet orange leaves, with the WSB isolate being the most aggressive.

Keyword: Anthracnose, citrus, *C. gloeosporioides*, *C. siamense*, multigene