

INTISARI

Rhizoctonia spp. merupakan patogen yang menjadi penyebab penyakit kudis hitam pada kentang dengan potensi kerugian yang signifikan dari segi ekonomi dan budidaya jangka panjang. Patogen dari genus tersebut memiliki keragaman genetik yang tinggi, sehingga analisis keragaman berdasarkan karakter genetik perlu dilakukan untuk identifikasi awal dan pengelompokan isolat berdasarkan kekerabatan genetik serta klasifikasi anastomosis grup (AG). Karakterisasi molekuler terhadap *Rhizoctonia* spp. yang berasosiasi dengan kudis hitam kentang dilakukan dengan metode PCR pada wilayah ITS1-5.8S-ITS2, PCR-RFLP, dan RAPD. Sebanyak 20 isolat yang berasal dari Jawa Timur, Jawa Tengah, dan Bengkulu digunakan dalam penelitian ini. Hasil identifikasi menunjukkan bahwa 8 dari 20 isolat merupakan *Rhizoctonia* spp. dari kelompok *Rhizoctonia* binukleat berdasarkan jumlah inti sel, PCR-ITS, dan profil PCR-RFLP. Isolat *Rhizoctonia* spp. lainnya menunjukkan karakteristik yang mirip dengan *Rhizoctonia solani*. Perhitungan kekerabatan genetik melalui similaritas Jaccard dan klusterisasi dengan metode UPGMA menghasilkan lima kelompok isolat yang tidak dipengaruhi oleh asal geografis. Banyaknya kelompok yang terbentuk menunjukkan tingkat keragaman dan heterogenitas genetik yang tinggi antar isolat dengan nilai kekerabatan rendah (0,30-0,43). Uji patogenisitas pada isolat representatif dari setiap kelompok menunjukkan bahwa isolat yang diduga merupakan spesies kompleks *Rhizoctonia solani* memiliki kemampuan patogenisitas yang lebih tinggi dibandingkan isolat kelompok *Rhizoctonia* binukleat.

Kata kunci: Karakterisasi molekuler, PCR-RFLP, RAPD, *Rhizoctonia* binukleat, *Rhizoctonia solani*.

ABSTRACT

Rhizoctonia spp. is a soilborne pathogen responsible for black scurf disease in potatoes, which can lead to substantial economic losses and long-term cultivation challenges. Due to the high genetic diversity within this genus, genetic-based variability analysis is essential for preliminary identification and for clustering isolates based on genetic relatedness and Anastomosis Group (AG) classification. In this study, molecular characterization of *Rhizoctonia* spp. associated with black scurf in potatoes was conducted using PCR amplification of the ITS1-5.8S-ITS2 region, PCR-RFLP, and RAPD techniques. A total of 20 isolates collected from potato-growing areas in East Java, Central Java, and Bengkulu were analyzed. Identification results revealed that 8 out of 20 isolates belonged to the binucleate *Rhizoctonia* group, as determined by nuclear counts, ITS-PCR, and PCR-RFLP profiles. The remaining *Rhizoctonia* spp. isolates exhibited characteristics resembling those of *Rhizoctonia solani*. Genetic relationship analysis using Jaccard similarity and UPGMA clustering grouped the isolates into five distinct clusters, which were not influenced by their geographic origins. The formation of multiple clusters indicates a high level of genetic variability and heterogeneity among the isolates, with low genetic similarity values (0.30-0.43). Pathogenicity tests using representative isolates from each cluster demonstrated that those suspected to be part of the *R. solani* species complex exhibited higher pathogenicity compared to the binucleate *Rhizoctonia* isolates.

Key words : Binucleate *Rhizoctonia*, molecular characterization, PCR-RFLP, RAPD, *Rhizoctonia solani*.