

ABSTRAK

Mycosphaerella fijiensis, agen penyebab *Black Sigatoka*, merupakan salah satu ancaman serius bagi produksi pisang di Indonesia, namun informasi mengenai keragaman genetiknya masih terbatas, terutama di luar Jawa. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji keragaman morfologi dan genetik isolat *M. fijiensis* dari Jawa dan Sulawesi Tenggara. Sebanyak 24 isolat (16 dari Jawa, 8 dari Sulawesi Tenggara) dikarakterisasi secara morfologi, dan keragaman genetiknya dievaluasi menggunakan *repetitive element-PCR* (rep-PCR) dan *Simple Sequence Repeat* (SSR). Analisis kluster dilakukan menggunakan UPGMA berdasarkan *Simple Matching Coefficient* untuk data morfologi, Koefisien Jaccard untuk data rep-PCR dan Koefisien Dice untuk data SSR. Karakter morfologi menunjukkan adanya variasi tetapi tidak berkorelasi dengan asal geografis isolat. Sebaliknya, analisis rep-PCR memisahkan isolat ke dalam dua kluster genetik utama yang berkorelasi kuat dengan asal geografisnya (Jawa dan Sulawesi Tenggara). Satu isolat anomali dari Jawa mengelompok dengan grup Sulawesi Tenggara, yang mengindikasikan kemungkinan adanya peristiwa penyebaran yang dimediasi oleh manusia. Analisis SSR belum mampu menyajikan hasil yang baik. Penggunaan hanya dua primer SSR seringkali tidak cukup untuk menangkap tingkat keragaman genetik total dalam sebuah populasi secara akurat. Disimpulkan bahwa terdapat diferensiasi genetik yang signifikan antara populasi *M. fijiensis* di Jawa dan Sulawesi Tenggara, dan analisis molekuler sangat penting untuk mengungkap struktur populasi ini. Temuan ini sangat penting untuk pengembangan strategi pengelolaan penyakit dan pemuliaan pisang yang spesifik untuk setiap wilayah.

Kata kunci: *Black Sigatoka*, keragaman genetik, *M. fijiensis*, rep-PCR

ABSTRACT

Mycosphaerella fijiensis, the causal agent of *Black Sigatoka*, is one of a serious threat to Indonesian banana production, yet information on its genetic diversity is limited, particularly outside of Java. This study aimed to assess the morphological and genetic diversity of *M. fijiensis* isolates from Java and Southeast Sulawesi. A total of 24 isolates (16 from Java, 8 from Southeast Sulawesi) were characterized morphologically, and their genetic diversity was evaluated using *repetitive element*-PCR (rep-PCR) and *Simple Sequence Repeat* (SSR). Cluster analysis was performed using UPGMA based on Simple Matching Coefficient for morphological data, Jaccard's coefficient for rep-PCR data Dice's Coefficient for SSR data. Morphological characters showed variation but did not correlate with the geographical origin of the isolates. In contrast, rep-PCR analysis separated the isolates into two major genetic clusters that strongly correlated with their geographical origins (Java and Southeast Sulawesi). Notably, one anomalous isolate from Java clustered with the Southeast Sulawesi group, indicating a possible human-mediated dispersal event. The SSR analysis did not yield satisfactory results. The use of only two SSR primers is often insufficient to accurately capture the total level of genetic diversity within a population. It is concluded that significant genetic differentiation exists between the *M. fijiensis* populations of Java and Southeast Sulawesi, and that molecular analysis is essential for revealing this population structure. These findings are critical for developing region-specific disease management and banana breeding strategies.

Keywords: *Black Sigatoka*, genetic diversity, *M. fijiensis*, rep-pcr.