UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Identifikasi Profil DNA Fingerprint Colletotrichum spp. Berbasis Inter-Simple Sequence Repeat dan Gen Barcode beta-tubulin 2
Muhammad Meshal Ramadhayesa, Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

IDENTIFIKASI PROFIL DNA *FINGERPRINT Colletotrichum* spp. BERBASIS *INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT* DAN GEN *BARCODE β-TUBULIN 2*

Muhammad Meshal Ramadhayesa
22/493820/BI/10956

Dosen Pembimbing : Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.

INTISARI

Penyakit busuk buah, khususnya *Mango Anthracnose Disease* (MAD) yang disebabkan oleh fungi patogen *Colletotrichum* spp. merupakan kendala utama pada budidaya mangga (*Mangifera indica*). Kemiripan karakter morfologis antar spesies dalam kelompok patogen tersebut sering kali menyulitkan proses identifikasi secara akurat. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk menganalisis karakter morfologis isolat jamur patogen penyebab busuk buah pada mangga, mengevaluasi efektivitas marka *Inter-Simple Sequence Repeat* (ISSR) dalam menghasilkan profil pita DNA spesifik genus, serta menilai tingkat kongruensi antara pendekatan fenetik dan filogenetik dalam identifikasi spesies. Penelitian dilakukan dengan pendekatan polifasik yang mengintegrasikan pengamatan morfologis isolat dari wilayah Sleman, kemudian dianalisis secara molekuler berbasis sekuens gen *β-tubulin* (*tub2*) dan DNA *fingerprinting* menggunakan marka ISSR. Hasil menunjukkan adanya variasi morfologis antar isolat yang dapat digunakan sebagai identifikasi awal, namun tidak cukup untuk delimitasi spesies. Analisis molekuler berhasil mengidentifikasi isolat sebagai *Colletotrichum siamense, C. asianum, Fusarium decemcellulare, F. guangdongense, F. mangiferae*, dan *Cylindrocladiella peruviana*. Marka ISSR menghasilkan pola pita DNA polimorfik dan mengidentifikasi 21 pita spesifik pada tingkat genus. Analisis fenetik dan filogenetik menunjukkan pola pengelompokan yang konsisten pada tingkat genus, meskipun memiliki perbedaan resolusi pada tingkat spesies.

Kata kunci : antraknosa, *Colletotrichum, Mangifera indica, tub2*, ISSR

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Identifikasi Profil DNA Fingerprint Colletotrichum spp. Berbasis Inter-Simple Sequence Repeat dan Gen Barcode beta-tubulin 2
Muhammad Meshal Ramadhayesa, Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

IDENTIFICATION OF DNA FINGERPRINT PROFILES OF *Colletotrichum* spp. BASED ON INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT AND THE *β-TUBULIN 2* BARCODE GENE

Muhammad Meshal Ramadhayesa
22/493820/BI/10956

Supervisor : Prof. Dr. Budi Setiadi Daryono, M.Agr.Sc.

ABSTRACT

Fruit rot disease, particularly Mango Anthracnose Disease (MAD) caused by the pathogenic fungus *Colletotrichum* spp., represents a major constraint in mango (*Mangifera indica*) cultivation. However, morphological similarities among species within this pathogen group often hinder accurate identification. Therefore, this study aims to analyze the morphological characteristics of fungal isolates associated with mango fruit rot, evaluate the effectiveness of Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) markers in generating genus-specific DNA banding profiles, and assess the level of congruence between phenetic and phylogenetic approaches in species identification. This research was conducted using a polyphasic approach integrating morphological characterization of isolates collected from Sleman with molecular analyses based on *β-tubulin* (*tub2*) gene sequencing and DNA fingerprinting using ISSR markers. The results revealed morphological variation among isolates that can be used for preliminary identification but is insufficient for species-level delimitation. Molecular analysis successfully identified the isolates as *Colletotrichum siamense, C. asianum, Fusarium decemcellulare, F. guangdongense, F. mangiferae*, and *Cylindrocladiella peruviana*. ISSR markers produced polymorphic DNA banding patterns and identified 21 genus-specific bands. Both phenetic and phylogenetic analyses showed consistent clustering patterns at the genus level, although differences in resolution were observed at the species level.

Keywords: anthracnose, *Colletotrichum, Mangifera indica*, *tub2*, ISSR