

INTISARI

Nematoda puru akar (*Meloidogyne* spp.) merupakan salah satu nematoda parasit penting yang menyerang padi. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui spesies *Meloidogyne* yang menyerang tanaman padi di Mlati, Ngemplak, Cangkringan, dan Pleret. Identifikasi spesies dilakukan secara molekuler dengan PCR dan sekuen DNA pada daerah perpanjangan D2/D3 28S rRNA serta secara morfologi dengan analisis sidik pantat sebagai konfirmasi pendukung. Identifikasi molekuler yang dilakukan dengan menggunakan primer universal nematoda (D2A/D3B) menunjukkan semua sampel teramplifikasi pada ± 766 bp. Selain itu, dilakukan juga amplifikasi dengan primer spesifik spesies *Meloidogyne graminicola* (Mg-F2/Mg-R3) yang menunjukkan bahwa semua sampel dapat teramplifikasi pada ± 369 bp. Analisis sekuen DNA sampel dari Mlati, Cangkringan, Ngemplak, dan Pleret memiliki kesamaan 99%-100% dengan *Meloidogyne graminicola* dari beberapa negara. Berdasarkan pohon filogenetik diketahui bahwa *Meloidogyne graminicola* Mlati, Ngemplak, Cangkringan, dan Pleret berada dalam satu kelompok dengan *Meloidogyne graminicola* isolat Cina dan Filipina. Identifikasi morfologi menunjukkan semua sampel memiliki ciri sidik pantat yang dimiliki *Meloidogyne graminicola* dan tidak ditemukan penciri spesies lain.

Kata kunci: *Meloidogyne graminicola*, identifikasi molekuler, sekuen DNA, identifikasi morfologi, sidik pantat.

ABSTRACT

Root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) are one of the most important parasitic nematodes in rice plants. This study aims was to know the species of *Meloidogyne* that infect the rice plants on Mlati, Ngemplak, Cangkringan, and Bantul. Species identification was carried out molecularly with PCR and sequence the extension region D2/D3 of 28S rRNA and morphologically with perennial pattern of female nematodes as support confirmation. Molecular identification carried out by amplification using universal nematodes primer (D2A/D3B) showed that all samples successfully amplified at ± 766 bp. In addition, amplification was also carried out with species specific *Meloidogyne graminicola* (Mg-F2/Mg-R3) which successfully amplified at ± 369 bp for all samples. All samples DNA sequence analysis had 99-100% similarity with *Meloidogyne graminicola* isolates from several countries. Based on phylogenetic trees, it is known that *Meloidogyne graminicola* Mlati, Ngemplak, Cangkringan, and Pleret were in one group with *Meloidogyne graminicola* isolates from China and the Philippines. Morphological identification by perennial pattern could be concluded that all samples was *Meloidogyne graminicola*.

Keywords: *Meloidogyne graminicola*, molecular identification, DNA sequence, morphology identification, perennial pattern.