

ABSTRACT

MULTI-GENES ANALYSIS OF *COLLETOTRICHUM* SPP. ASSOCIATED WITH CHILI ANTHRACNOSE IN SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA

Dhika Sri Anggrahini

16/407502/PPN/04153

Chili is one of the regional leading commodity planted in broad agroecosystem. A suitable agro-climatic condition supports the chili production in Special Region in Yogyakarta. The production declines caused by fungal pathogen showing anthracnose symptoms. Anthracnose caused by *Colletotrichum* spp. produces circular or angular sunken lesion with concentric rings of acervuli that are often wet and producing pink to orange conidial mass. Even though chili is economically and nutritional important, information on anthracnose disease of chili is limited. Pathogens infecting chili in previous study area have not yet been characterized, and not fully documented although diseases affecting the crop in the country have been reported. Morphological characterization is not sufficient to differentiate species. Specific primers also could not identify *Colletotrichum* species. *C. acutatum* and *C. gloeosporioides* are species complexes mostly found on chili anthracnose. Thus it needs further technique to reveal the species. Since those approaches remain unclear in identifying *Colletotrichum* species, the implementation of morphological characterization and pathological traits combined with multi-genes phylogenetic analyses are required for proper identification of these species. This study characterized 14 *Colletotrichum* spp. isolates with septate and hyaline hyphae; various conidia (fusiform and cylindrical with two ends acute or one end slightly obtuse conidia belonged to *C. scovillei*, *C. makassarii*, and *C. siamense*; falcate belonged to *C. truncatum*); conidial size ranged 9.02–19.38 $\mu\text{m} \times 2.37$ –8.57 μm ; two kinds of fruiting bodies (conidiomata and acervuli) were produced; various appressoria (ovoid to ellipsoidal, sub-globose, undulate, and irregular) present. Only *C. truncatum* (J1 isolate) and *C. siamense* (S1 and S2 isolates) produced setae. The *Colletotrichum* isolates were observed and screened based on morphology using UPGMA. At level of 0.85 similarity, eight isolates were selected as representative isolates including one comparative isolate, and then analyzed in molecular level. Molecular analysis confirmed that all isolates were positively detected at 550 bp using ITS, 700 bp using *tub2*, and 280 bp using *gapdh*. Multi-genes phylogenetic tree of *Colletotrichum* causing chili anthracnose revealed the taxonomy. Using *ITS1-4*, *tub2* and *gapdh* sequences successfully resolved that *Colletotrichum* isolates found were *C. siamense* (S1 and S2), *C. scovillei* (B1, G1, K2, and Mg), *C. makassarii* (J2), and *C. truncatum* (J1). *Colletotrichum* isolates in Special Region of Yogyakarta were categorized into three virulence level, such as moderately virulent, virulent, and highly virulent, according to lesion or necrotic area and disease severity.

Key words: *Colletotrichum*, multi-genes, phylogeny, anthracnose

INTISARI

ANALISIS MULTIGEN *COLLETOTRICHUM* SPP. BERASOSIASI DENGAN ANTRAKNOSA PADA CABAI DI DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA

Dhika Sri Anggrahini

16/407502/PPN/04153

Cabai merupakan salah satu komoditas unggulan yang dapat ditanam di agroekosistem yang luas. Lingkungan klimatik agroekosistem yang sesuai akan mendukung produksi cabai di Daerah Istimewa Yogyakarta. Namun, produksi menurun dikarenakan jamur patogen yang menunjukkan gejala antraknosa. Antraknosa disebabkan oleh *Colletotrichum* spp. yang memproduksi gejala membulat dengan cincin konsentris berisi acervuli yang basah berwarna merah muda hingga oranye berisi konidia. Meskipun cabai secara ekonomi dan nutrisi penting, informasi terkait penyakit antraknosa pada cabai terbatas. Patogen menginfeksi cabai pada penelitian sebelumnya belum dikarakterisasi dan tidak didokumentasikan meskipun penyakit yang menginfeksi tanaman di Negara ini telah diberitakan. Karakterisasi morfologi tidak cukup untuk membedakan spesies. Primer spesifik juga tidak dapat mengidentifikasi spesies *Colletotrichum*.

C. acutatum dan *C. gloeosporioides* adalah kompleks spesies yang banyak ditemukan pada antraknosa cabai. Sehingga dibutuhkan teknik lanjut untuk menentukan spesies. Pendekatan teknik identifikasi sebelumnya masih belum bisa untuk mengidentifikasi *Colletotrichum* spp., sehingga implementasi karakterisasi morfologi dan sifat patogenisitas dikombinasikan dengan analisis filogenetik multi-gen dibutuhkan untuk identifikasi lanjut. Penelitian ini mengkarakterisasi 14 isolat *Colletotrichum* spp. dengan hifa hyaline berseptata, bentuk konidia yang bervariasi (fusiform dan silindris dengan kedua ujung runcing atau ujung satu runcing dan ujung lainnya bulat yang dimiliki oleh *C. scovillei*, *C. makassarii*, dan *C. siamense*; falcate dimiliki *C. truncatum*; ukuran konidia berkisar 9.02–19.38 μm x 2.37–8.57 μm ; dua badan buah (conidiomata dan acervuli) diproduksi; dan appressoria (ovoid hingga elipsoidal, sub-globose, undulate, dan irregular). Hanya *C. truncatum* (isolate J1) dan *C. siamense* (isolat S1 dan S2) memproduksi setae. Isolat *Colletotrichum* diseleksi berdasarkan morfologi menggunakan UPGMA. Pada perbedaan level 0.85, delapan isolat dipilih sebagai isolat perwakilan termasuk isolat pembanding, dan kemudian dianalisis pada level molekuler. Analisis molekuler mengkonfirmasi bahwa semua isolat terdeteksi pada 550 bp menggunakan ITS, 700 bp menggunakan *tub2*, dan 280 bp menggunakan *gapdh*. Pohon filogeni hasil analisis multig-gen mampu mengungkap taksonomi *Colletotrichum* penyebab antraknosa cabai. Menggunakan sekuens *ITS1-4*, *tub2* dan *gapdh* menetapkan *C. siamense* (S1 dan S2), *C. scovillei* (B1, G1, K2, dan Mg), *C. makassarii* (J2), dan *C. truncatum* (J1). Isolat *Colletotrichum* asal Daerah Istimewa Yogyakarta dikategorikan menjadi tiga level virulensi, antara lain agak virulen, virulen, dan sangat virulen, berdasarkan gejala atau luasan nekrotik dan keparahan penyakit.