

Study on Population Genetics of *Phytophthora palmivora* from Sulawesi and Java Islands Based on Simple Sequence Repeat (SSR) markers

**Eirene Brugman
(19/437342/PPN/04403)**

Abstract

Phytophthora palmivora is the causal agent of black pod rot disease, one of the main constraints in cacao production in Indonesia. A better understanding of *P. palmivora* population genetic could assist the development of more relevant disease management strategies. This study aimed to understand the level of genetic diversity and the population structure of *P. palmivora* originating from Sulawesi and Jawa Islands using the SSR markers. The number of *P. palmivora* isolates used in this study was 44, 24 isolates from Sulawesi island and 20 isolates from Java island. Morphological identification based on colony patterns, asexual and sexual structures, and molecular identification using specific primer confirm that Sulawesi isolates were *P. palmivora*. Population genetics in this study analyzes the level of genetic diversity and population structure of *P. palmivora* from Sulawesi and Java. A total of 34 multilocus genotypes (MLG) were detected from both populations based on SSR genotyping of five pairs of SSR markers. Genotype diversity based on Shannon's diversity index (H), Stoddart and Taylor's Index (G), and Simpson's Index (λ) respectively showed similarly high levels from the Sulawesi (2.90;16.0;0.938) and the Java population (2.76;14.3;0.930). The evenness and Nei's unbiased gene diversity from both populations also exhibited similar levels. The mode of reproduction in *P. palmivora* from each population assessed by the standardized Index of association showed that the Sulawesi population was clonal ($P < 0.01$) and sexual reproduction present in the Java population ($P = 0.312$). Population structure analysis with AMOVA and Bayesian clustering exhibits five genetic clusters shared almost evenly among all isolates. All of the molecular variances were within individuals, and the F_{st} value among populations (0.006) indicated no population structure formed. MSN analysis showed shared MLGs between both populations suggesting long-distance migration of *P. palmivora* and MLG25 was seemingly a local clone from the Sulawesi population that migrated and invaded the Java population.

Keywords: *Phytophthora palmivora*, black pod rot, population genetic diversity, population structure, SSR

Studi genetika populasi *Phytophthora palmivora* dari Pulau Sulawesi dan Jawa menggunakan penanda Simple Sequence Repeat (SSR)

**Eirene Brugman
(19/437342/PPN/04403)**

Intisari

Phytophthora palmivora adalah patogen penyebab penyakit busuk buah kakao, salah satu pembatas produksi kakao di Indonesia. Pemahaman yang lebih mendalam mengenai genetika populasi *P. palmivora* diperlukan untuk mendukung pengembangan strategi pengendalian yang lebih relevan. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi tingkat keragaman genetik dan struktur populasi *P. palmivora* asal Sulawesi dan Jawa berdasarkan penanda SSR. Jumlah isolat yang digunakan dalam penelitian ini adalah 44, 24 dari Sulawesi dan 20 dari Jawa. Identifikasi morfologi berdasarkan karakteristik pola koloni, struktur aseksual dan seksual, dan identifikasi molekuler menggunakan primer spesifik menunjukkan bahwa koleksi isolat asal Sulawesi merupakan *P. palmivora*. Jumlah multilokus genotipe (MLG) yang diperoleh dari kedua populasi adalah 34. Keragaman genotipe populasi Sulawesi (2.90;16.0;0.938) sedikit lebih besar dibanding dengan populasi Jawa (2.76;14.3;0.930) dilihat dari Shannon's diversity index (H), Stoddart and Taylor's Index (G), dan Simpson's Index (λ). Evenness dan keragaman gene Nei dari kedua populasi menunjukkan besaran yang mirip, kedua populasi memiliki keragaman gen yang tinggi. *P. palmivora* dari populasi Sulawesi dan Jawa secara umum memiliki keragaman genetik yang tinggi namun tidak terdapat diferensiasi genetik diantara kedua populasi. Kedua populasi membentuk satu populasi homogen dengan tingkat keragaman genetik yang tinggi dalam populasi. Uji linkage disequilibrium menggunakan nilai Indeks Asosiasi menunjukkan bahwa populasi Sulawesi merupakan populasi klonal ($P < 0.01$) sedangkan di populasi Jawa terdapat reproduksi seksual ($P = 0.312$). Analisis struktur populasi dengan AMOVA dan Bayesian clustering menunjukkan terdapat lima kluster genetik yang hampir secara proporsional terdapat pada semua isolat dari kedua populasi. Semua keragaman genetik berasal dari dalam individu (100%) dan nilai F_{st} (0.006) menunjukkan bahwa tidak ada struktur populasi yang terbentuk. Analisis Minimum Spanning Network berdasarkan jarak genetik Bruno pada semua isolat tidak menunjukkan adanya pengelompokan MLG dan adanya MLG yang terdapat pada kedua populasi mengindikasikan terjadinya migrasi *P. palmivora* antar populasi. MLG25 kemungkinan merupakan klon lokal dari populasi Sulawesi yang mengalami bermigrasi dan menginvasi populasi Jawa.

Kata kunci: *Phytophthora palmivora*, busuk buah kakao, keragaman genetik populasi, struktur populasi, SSR