

# PENGEMBANGAN MARKA MOLEKULER UNTUK DETEKSI BEGOMOVIRUS REKOMBINAN PADA SEMANGKA DI DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA

Faridawati Junjung Nindhiani  
20/471431/PPN/04679

## Intisari

Begomovirus adalah patogen tanaman penting untuk Cucurbitaceae. Sebagai bagian salah satu famili Cucurbitaceae, semangka (*Citrullus lanatus*) merupakan tanaman yang banyak dibudidayakan di Indonesia. Tanaman semangka dengan gejala daun keriting dan mosaik kuning ditemukan di Kabupaten Sleman, Bantul, Kulon Progo, dan Gunung Kidul. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi sebaran dan keparahan penyakit keriting pada semangka, deteksi dan identifikasi secara PCR, identifikasi urutan genom utuh Begomovirus, dan analisis molekuler marker untuk deteksi Begomovirus rekombinan. Penelitian di lapangan dilakukan pada bulan Juni hingga Juli 2022, dan uji molekuler dilakukan di ruang Virologi Tumbuhan, Laboratorium Ilmu Penyakit Tumbuhan, Departemen Hama dan Penyakit Tumbuhan, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada pada bulan Maret hingga Desember 2022. Total DNA diekstraksi dan dianalisis dengan metode RCA dan PCR menggunakan primer universal Krusty/Hommer. Selanjutnya karakterisasi DNA-A dilakukan dengan primer universal UPV1/PAVc715 dan spesifik SLCV- cF-01/SLCV- cR-02, SLCV-991F-1/SLCV-1895R-1, SLCV-277F-2/SLCV-777R-2, SLCV-1995F-3/SLCV-2430R-3. Deteksi genom DNA-B dilakukan dengan primer DNA-BV/DNA-BC, menghasilkan 1200bp. Genom lengkap DNA-A terdiri dari 2737 nukleotida, berisi enam *open reading frame* (ORF), dua ORF pada viral sense dan empat ORF pada untai komplementer. Genom utuh merupakan tipe bipartit, karena adanya asosiasi dengan komponen DNA-B. Genom DNA-B teridentifikasi parsial terdiri dari 1088 nukleotida. Semua sekuen begomovirus menunjukkan kemiripan identitas 91–98,1% dengan isolat *Squash leaf curl China virus* (SLCCNV) Malaysia. Data tersebut menunjukkan bahwa penyakit keriting daun semangka di Yogyakarta disebabkan oleh SLCCNV. Marka molekuler dapat teramplifikasi dengan stabil pada target virus nonrekombinan.

**Kata kunci:** semangka; begomovirus; rekombinan; marka\_molekuler, SLCCNV.

# DEVELOPMENT OF MOLECULAR MARKERS FOR DETECTION RECOMBINANT BEGOMOVIRUS ON WATERMELON IN THE SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA

Faridawati Junjung Nindhiani  
20/471431/PPN/04679

## Abstract

Begomovirus is an important plant pathogen for Cucurbitaceae. As part of Cucurbitaceae, watermelon (*Citrullus lanatus*) is a valuable plant and widely cultivated in Indonesia. Watermelon plants with leaf curling and yellow mosaic symptoms was found in Sleman, Bantul, Kulon Progo, and Gunung kidul. This research aimed to identify the distribution and severity of leaf curl disease in watermelon, detection and identification by PCR, Identification of DNA-A begomovirus complete sequence, and analyze molecular markers for detection of recombinant begomovirus. Field research was carried out from June to July 2022, and molecular research were carried out at the Plant Virology Room, Plant Disease Science Laboratory, Department of Plant Pests and Diseases, Faculty of Agriculture, Gadjah Mada University from March to December 2022. Total DNA was extracted and analyzed by RCA and PCR methods using universal primer Krusty/Hommer. Further, DNA-A characterization performed by universal primer UPV1/PAVc715 and specific primer SLCV-cF-01/SLCV-cR-02, SLCV-991F-1/SLCV-1895R-1, SLCV-277F-2/SLCV-777R-2, SLCV-1995F-3/SLCV-2430R-3. DNA-B detection was performed by primer DNA-BV/DNA-BC, resulted in a 1200bp. The complete genome of DNA-A consisted of 2737 nucleotides, contained six open reading frames (ORFs), two ORFs on the viral sense and four ORFs on the complementary sense strand. The genome was bipartite, because association of DNA-B components was detected. The presence of DNA-B consisted of 1088 nucleotides. Sequences of all begomovirus in this study showed 91–98,1% identity with *Squash leaf curl China virus* (SLCCNV) Malaysia isolate. These data suggest that watermelon leaf curl disease in Yogyakarta was caused by SLCCNV. Molecular markers can be stably amplified on non-recombinant virus targets.

**Keywords:** watermelon; begomovirus; recombinant; molecular\_marker; SLCCNV