

## INTISARI

Berdasarkan pengamatan di lahan petani Kopeng banyak ditemukan penyakit kuning tanpa diketahui virus penyebab penyakit tersebut. Salah satu cara untuk pengendalian dan pencegahan penyebaran penyakit adalah dengan varietas tahan. Berdasarkan *personal communication* dalam penentuan calon tetua, Udonku yang merupakan varietas F1 mentimun dari Jepang menunjukkan adanya respon ketahanan terhadap penyakit kuning yang disebabkan virus. Tujuan dari penelitian ini adalah mengidentifikasi virus penyebab penyakit kuning pada tanaman mentimun dan serangga yang diduga sebagai vektor pembawa virus, memperoleh informasi aktivitas gen terkait ketahanan di dalam tanaman mentimun sebagai respons terhadap infeksi virus, membandingkan tingkat ketahanan antar populasi tanaman mentimun terhadap penyakit kuning, serta memperoleh informasi sifat ketahanan tanaman mentimun terhadap penyakit kuning diwariskan melalui pewarisan nukleus atau pewarisan sitoplasmik. Dalam kegiatan pembentukan populasi dilakukan persilangan antara varietas Udonku dan Shira sehingga terbentuk empat populasi yaitu generasi F3 yang merupakan double cross Shira x Udonku (Ky 1), generasi F3 yang merupakan double cross Udonku x Shira (Ky 2), generasi F3 Shira (Ky 3), dan generasi F2 Udonku (Ky 4). Pada keempat populasi tersebut diberi perlakuan inokulasi secara alami. Identifikasi genus virus yang menginfeksi tanaman dilakukan dengan metode PCR menggunakan primer Begomovirus, Polerovirus dan Crinivirus, virus yang teridentifikasi diuji pada serangga yang ditemukan di sekitar pertanaman untuk melihat apakah serangga tersebut berperan sebagai vektor pembawa virus atau tidak. Analisis RT-qPCR menggunakan kit SensiFAST SYBR No-Rox one step, untuk melihat aktivitas jasmonic acid melalui gen OPR 2 dan OPR 3, salicylic acid melalui gen ICL dan gen ketahanan yaitu csRDR1b dan RPO-1 diamati dengan nilai  $ct$  yang muncul selanjutnya dihitung menggunakan rumus  $2^{-\Delta\Delta ct}$  untuk melihat ekspresi gen pada tanaman berumur 10, 20 dan 30 hari setelah inokulasi. Tingkat ketahanan antar populasi ditentukan berdasarkan nilai intensitas penyakit dan nilai AUDPC serta didukung dengan data morfologi. Untuk mengetahui gen pengendali sifat ketahanan dilakukan uji chi kuadrat dan uji maternal inheritance berdasarkan nilai skoring pada akhir pengamatan atau 28 hari setelah inokulasi. Hasil yang ditemukan dalam penelitian ini, adalah: (1) virus penyebab penyakit kuning pada tanaman mentimun disebabkan oleh infeksi dari polerovirus dengan serangga yang diduga vektor adalah kutu kebul, afid dan thrips. (2) Gen OPR 2 dan OPR 3 menunjukkan respons paling tinggi terhadap infeksi polerovirus pada tanaman mentimun. (3) Populasi Ky 1 dan Ky 3 memiliki status ketahanan rentan terhadap polerovirus sedangkan Ky 2 dan Ky 4 memiliki status ketahanan moderate terhadap polerovirus. (4) Sifat ketahanan tanaman mentimun terhadap penyakit kuning yang disebabkan oleh polerovirus diwariskan melalui sitoplasma.

Kata kunci: Gen ketahanan, Mentimun, Penyakit kuning, Pewarisan sifat, Serangga vektor

## ABSTRACT

Based on observations of farmers' fields in Kopeng, was shown that almost every cucumber field showed symptoms of yellowing leaves without knowing the virus that causes the disease. Unlike F1 varieties of Shira and Udonku, from Japan they do not show symptoms of yellowing leaves compared to local varieties. It is hoped that the formation of new variety candidates by crossing between Shira and Udonku is expected to produce varieties that are more resistant to yellow leaf disease. This study aimed to identify viruses that cause yellow leaf disease in cucumber and putative insect vectors, to obtain information on the activity of resistance genes in response to viral infection, to compare the resistance level between populations of cucumber, obtaining information on the resistance of cucumber to yellow leaf disease which is inherited through nuclear inheritance or cytoplasmic inheritance. To create a breeding population, crosses were made between Udonku and Shira, so that four populations were formed, which are the F3 generation which was a double cross between Shira x Udonku (Ky 1), the F3 generation which was a double cross between Udonku x Shira (Ky 2), the F3 generation Shira (Ky 3), and F2 generation Udonku (Ky 4). Virus identification was carried out by the PCR method using Begomovirus, Polerovirus and Crinivirus primers. Identified viruses were tested on insects found around the plantations to see whether these insects acted as virus carrier vectors or not. RT-qPCR analysis using the SensiFAST SYBR No-Rox one step kit, to see the activity of jasmonic acid through the OPR 2 and OPR 3 genes, salicylic acid through the ICL gene and resistance genes *csRDR1b* and *RPO-1* were observed with the *ct* values then calculated using  $2^{-\Delta\Delta ct}$  formula to see gene expression in plants aged 10, 20 and 30 days after inoculation. Resistance levels between populations were determined based on disease intensity values and AUDPC values and supported by morphological data. Chi square test and maternal inheritance test were carried to find out the resistance gene. The results found in this study were: (1) Polerovirus causes yellow leaf disease in cucumber with suspected insect vectors are whitefly, aphids and thrips. (2) The highest response to polerovirus infection were OPR 2 and OPR 3. (3) Populations of Ky 1 and Ky 3 have a status of susceptibility to polerovirus, while Ky 2 and Ky 4 had moderate resistance to polerovirus. (4) Resistance gene to yellow leaf disease caused by polerovirus was inherited through the cytoplasm.

**Key words:** Cucumber, Inheritance, Insect vector, Resistance gene, yellow leaf disease