

# **PERUNUTAN GENOM UTUH BEGOMOVIRUS YANG MENGINFEKSI LABU SIAM (*Sechium edule*) DI MAGELANG, INDONESIA**

Nurina Al Mira  
20/471432/PPN/04680

## **INTISARI**

Begomovirus memiliki kisaran inang yang luas dan dapat ditemukan di dataran rendah maupun dataran tinggi. Pengamatan yang dilakukan pada tahun 2019 di dataran tinggi, ditemukan labu siam (*Sechium edule*) menunjukkan gejala khas begomovirus diantaranya adalah mosaik, daun melengkung, dan menguning. Untuk mengidentifikasi penyebabnya, dilakukan deteksi dan karakterisasi begomovirus menggunakan metode *primer walking* yang dilanjutkan dengan sekuensing yang kemudian disusun hingga membentuk genom utuh virus. Dalam penelitian ini, kami menemukan bahwa labu siam terinfeksi oleh begomovirus yang memiliki identitas tertinggi dengan Squash leaf curl China virus (SLCCNV) dengan panjang keseluruhan isolat DNA-A (OP974627) memiliki panjang 2733 nt dengan 6 ORF. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa isolate labu siam SLCCNV membentuk kluster dengan isolat yang ditemukan di China dan Asia Tenggara, sedangkan strain India yang ditemukan di negara Asia Selatan menunjukkan cluster yang berbeda. Hasil sekuen parsial DNA-B virus dengan panjang 1121 nt mempunyai identitas nukleotida tertinggi dengan DNA-B Squash leaf curl Philippines virus (SLCuPV) Taiwan. Urutan sekuen parsial hanya menunjukkan sebagian BV1 ORF dan BC1 ORF sehingga analisis asam nukleat tidak dapat dilakukan. Di lapangan, kami menemukan bahwa pertanaman labu siam pada tahun 2022 juga mengalami infeksi begomovirus, dan kemungkinan besar spesiesnya sama dengan SLCCNV yang terdeteksi pada sampel tahun 2019 menggunakan primer spesifik. Hal ini menunjukkan bahwa virus ini masih ada di pertanaman labu siam di Magelang selama bertahun-tahun. Penelitian ini menambah catatan keberadaan SLCCNV pada labu siam, sebagai tanaman alternatif, dan juga menunjukkan persebaran SLCCNV yang semakin tersebar luas dan terdapat di dataran tinggi.

**Kata Kunci:** Labu Siam; Begomovirus; Squash leaf curl China virus (SLCCNV); PCR; sekuen genom utuh

## WHOLE GENOM SEQUENCE OF BEGOMOVIRUS INFECTING CHAYOTE (*Sechium edule*) IN MAGELANG, INDONESIA

Nurina Al Mira

20/471432/PPN/04680

### **ABSTRACT**

Begomovirus has a wide host range and has been found in both lowlands and highlands. During 2019 survey in the highland, we found chayote (*Sechium edule*) exhibited typical symptoms of begomovirus including mosaic, leaf curling, and leaf yellowing. To identify the causal agent, we carried out begomovirus detection and characterization using primer walking method followed by sequencing which was then arranged to form the whole genome. In this study, we found out the begomovirus infecting chayote shared the highest identity with Squash leaf curl China virus (SLCCNV) with the entire length of the DNA-A isolate (OP974627) had 2733 nt in length with 6 ORF. The Phylogenetic analysis showed that the SLCCNV chayote is clustered with SLCCNV found around China and South East Asia meanwhile the India strain found around South Asia country shows a different cluster. The result of partial DNA-B of the virus which is 1121 nt in length had the highest nucleotide identity with DNA-B Squash leaf curl Philippines virus (SLCuPV) Taiwan. The partial sequence only shown part of BV1 ORF and BC1 ORF thus the nucleic acid analysis cannot be carried out. In the field, we found out that chayote plantation in 2022 also had begomovirus infection and most likely the same species as the SLCCNV detected in 2019 sample by using specific primer. This showed that the virus is already established in Chayote plantation in Magelang dan exists throughout the years. This research adds the record of the existence of SLCCNV in chayote, as an alternative plant, and as its virus hosts are becoming more widespread and present in the highlands.

Keywords: Chayote; Begomovirus; Squash leaf curl China virus (SLCCNV); PCR; full-length genome