

INTISARI

KARAKTERISASI MOLEKULER DAN UJI KISARAN INANG *Cucumber mosaic virus* PADA CABAI DAN GULMA DI LAHAN BUDIDAYA CABAI DI DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA

Antama Surwadinata
23/513338/PPN/05030

Cucumber mosaic virus (CMV) merupakan ancaman utama bagi produksi cabai (*Capsicum* spp.) di Indonesia. Virus ini memiliki kisaran inang yang luas, termasuk gulma yang berperan sebagai reservoir alami, sehingga berpotensi meningkatkan penyebaran dan evolusinya. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi, mengkarakterisasi molekuler, dan menguji kisaran inang CMV pada cabai dan gulma di lahan budidaya cabai di D.I. Yogyakarta. Sampel daun dikumpulkan dari Kabupaten Sleman, Bantul, dan Kulon Progo, kemudian dianalisis menggunakan RT-PCR dengan primer spesifik yang menargetkan RNA2 parsial (± 650 bp) dan RNA3 parsial (± 540 bp). Sebanyak 17 isolat CMV terdeteksi, termasuk dari delapan spesies gulma, yaitu *Amaranthus spinosus*, *Ipomoea* sp., *Alternanthera* sp., *Ludwigia* sp., *Scoparia dulcis*, *Centrosema pubescens*, *Eclipta prostrata*, dan *Commelina benghalensis*. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa seluruh isolat tergolong tidak terklasifikasi berdasarkan RNA2 parsial, tetapi termasuk Subgrup IB berdasarkan RNA3 parsial. Studi rekombinasi mengidentifikasi dua kejadian rekombinasi pada RNA3, melibatkan isolat CMV dari Korea Selatan sebagai rekombinan dan dua isolat lokal sebagai parental utama. Keberagaman haplotipe ditemukan antar-isolat di hampir seluruh lokasi, termasuk di Minggir, Kabupaten Sleman, di mana isolat CMV dari cabai merah keriting dan cabai rawit memiliki haplotipe RNA2 parsial yang sama tetapi berbeda dengan isolat dari lima spesies gulma. Sebaliknya, seluruh isolat cabai dan gulma di lokasi tersebut memiliki haplotipe yang sama pada RNA3 parsial. Uji kisaran inang menunjukkan bahwa isolat CMV mampu menginfeksi 11 spesies tanaman uji dari famili Solanaceae, Cucurbitaceae, dan Fabaceae, menegaskan peran gulma dalam siklus infeksi CMV. Hasil ini menggarisbawahi pentingnya pengelolaan gulma dalam strategi pengendalian CMV di lahan budidaya cabai.

Kata kunci: Haplotipe, inokulasi mekanis, keragaman genetik, rekombinasi, reservoir virus.

ABSTRACT

MOLECULAR CHARACTERIZATION AND HOST RANGE ASSAY OF *Cucumber mosaic virus* ON CHILI AND WEEDS AT CHILI CULTIVATION AREAS IN SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA

Antama Surwadinata
23/513338/PPN/05030

Cucumber mosaic virus (CMV) poses a significant threat to *Capsicum* spp. production in Indonesia. This virus has a wide host range, including weeds that act as natural reservoirs, potentially facilitating its transmission and evolution. This study aimed to detect, molecularly characterize, and evaluate the host range of CMV infecting chili peppers and weeds in cultivated areas of the Special Region of Yogyakarta, Indonesia. Leaf samples were collected from the Sleman, Bantul, and Kulon Progo districts and analyzed using RT-PCR with specific primers targeting partial RNA2 (± 650 bp) and RNA3 (± 540 bp). A total of 17 CMV isolates were identified, including those from eight weed species: *Amaranthus spinosus*, *Ipomoea* sp., *Alternanthera* sp., *Ludwigia* sp., *Scoparia dulcis*, *Centrosema pubescens*, *Eclipta prostrata*, and *Commelina benghalensis*. Phylogenetic analysis revealed that all isolates were unclassified based on partial RNA2 but clustered into Subgroup IB based on RNA3. Recombination analysis identified two recombination events in RNA3, involving a South Korean CMV isolate as the recombinant and two local isolates as parental sequences. Haplotype diversity was observed across most locations. Notably, in Minggir, Sleman, CMV isolates from chili pepper and cayenne pepper shared identical partial RNA2 haplotypes but differed from those in five weed species, whereas all isolates from chili and weeds exhibited identical partial RNA3 haplotypes. Host range assays confirmed CMV infection in 11 plant species from the Solanaceae, Cucurbitaceae, and Fabaceae families, underscoring the role of weeds as epidemiological reservoirs. These findings emphasize the importance of weed management in CMV control strategies for chili cultivation.

Keywords: Genetic diversity, haplotype, mechanical inoculation, recombination, viral reservoir.