

INTISARI

Bawang merah (*Allium cepa* L. var. *aggregatum*) merupakan komoditas hortikultura penting di Indonesia yang rentan terhadap infeksi virus, seperti dari genus *Carlavirus*, *Potyvirus*, dan *Alexivirus*, yang dapat menurunkan hasil panen secara signifikan. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis karakter molekuler, hubungan filogenetik, dan persentase kesamaan nukleotida dari ketiga genus virus tersebut yang menginfeksi tanaman bawang merah di tiga kabupaten sentra produksi yaitu Bandung, Brebes, dan Gunungkidul.

Metode yang digunakan meliputi pengambilan sampel dari lapangan, ekstraksi RNA total, sintesis cDNA, deteksi menggunakan RT-PCR, serta analisis sekuens melalui perangkat lunak MEGA 11 dan SDT. Hasil penelitian menunjukkan bahwa insidensi infeksi *Carlavirus*, *Potyvirus*, dan *Alexivirus* masing-masing sebesar 100%, 81,81%, dan 27,27%. Selain itu, teridentifikasi infeksi gabungan antar ketiga virus. Hasil sekuensing menunjukkan adanya 11 isolat *Carlavirus* (SLV), 9 isolat *Potyvirus* (SYSV), dan 3 isolat *Alexivirus* (GarVC), dengan tingkat kesamaan nukleotida antar isolat berkisar antara 90–98%, menunjukkan kekerabatan yang erat, terutama antara isolat dari Brebes dan Gunungkidul.

Penelitian ini memberikan informasi molekuler terkini terhadap virus-virus utama pada budidaya bawang merah dan menjadi dasar penting untuk pengelolaan Organisme Pengganggu Tumbuhan (OPT) berbasis data molekuler, serta pengembangan benih tahan virus di masa depan.

Kata Kunci : Bawang merah, *Carlavirus*, *Potyvirus*, *Alexivirus*, RT-PCR, filogeni, kesamaan nukleotida

ABSTRACT

Shallot (*Allium cepa* L. var. *aggregatum*) is an important horticultural commodity in Indonesia that is vulnerable to viral infections caused by *Carlavirus*, *Potyvirus*, and *Allxivirus*, which can significantly reduce yield. This study aimed to analyze the molecular characteristics, phylogenetic relationships, and nucleotide identity percentages of these three viral genera infecting shallot plants in three major production centers: Bandung, Brebes, and Gunungkidul.

The methods used included field sampling, total RNA extraction, cDNA synthesis, detection via RT-PCR, and sequence analysis using MEGA 11 and SDT software. The results showed infection incidences of *Carlavirus*, *Potyvirus*, and *Allxivirus* at 100%, 81.81%, and 27.27%, respectively. Mixed infections among the viruses were also identified. Sequencing analysis revealed 11 *Carlavirus* isolates (SLV), 9 *Potyvirus* isolates (SYSV), and 3 *Allxivirus* isolates (GarVC), with nucleotide identity ranging from 90–98%, indicating a close relationship, particularly between isolates from Brebes and Gunungkidul.

This study provides updated molecular information on major viral pathogens affecting shallot cultivation and serves as a valuable foundation for molecular-based pest management and the development of virus-resistant shallot seeds.

Keyword : Shallot, *Carlavirus*, *Potyvirus*, *Allxivirus*, RT-PCR, phylogeny, nucleotide identity