

DETEKSI DAN HUBUNGAN KEKERABATAN BANANA STREAK VIRUS DI INDONESIA BERDASARKAN PARTIAL OPEN READING FRAMES III

Oleh
Estiyani Indraningsih
10/306284/PBI/960

INTISARI

Pisang (*Musa* sp.) adalah komoditi hortikultura yang termasuk dalam buah unggulan Indonesia. *Banana streak virus* (BSV), merupakan anggota genus *Badnavirus*, *Caulimoviridae* yang dilaporkan telah menginfeksi tanaman pisang di Indonesia khususnya di wilayah Jawa Barat, Banten dan Lampung. Gejala yang mengindikasikan infeksi BSV berupa adanya garis klorosis, garis nekrosis, mosaik, atau malformasi. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keberadaan dan hubungan kekerabatan BSV di Indonesia dengan isolat BSV dari berbagai negara berdasarkan kesamaan sekuen gen dari *partial* ORF III. Survei dan koleksi sampel dilakukan di lahan Kebun Plasma Nutfah Pisang (KPNP) Yogyakarta selama bulan Juli-September 2011. Deteksi virus dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan pasangan primer spesifik BSV pada sampel daun tanaman pisang yang menunjukkan gejala bercak garis. Selanjutnya dilakukan *sequencing* pada produk PCR untuk diketahui urutan nukleotidanya. Analisis homologi sekuen dilakukan dengan membandingkan sekuen dari negara lain menggunakan program *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST). Analisis hubungan kekerabatan menggunakan analisis filogenetik dengan metode *Maximum Likelihood* pada program MEGA 5.10. Analisis secara statistik pada cabang internal dengan menggunakan bootstrap 1000. Hasil survei menunjukkan dari 343 kultivar tanaman pisang yang ditanam, 35 diantaranya menunjukkan gejala infeksi BSV. Deteksi BSV dengan metode PCR dari ke-35 sampel yang diambil menunjukkan positif BSV pada kultivar Raja seribu, Sobolondo, Ambon kecil, Ambon kuning, Raja bagus, Gading, Australi, dan Kepok bawen. *Sequencing* dilakukan pada isolat BSV yang diambil dari kultivar Raja seribu (BSV-RS), Raja bagus (BSV-RB), dan Kepok bawen (BSV-KB). Analisis filogenetika menunjukkan BSV-KB identik dengan BSV-K3 (IS = 100.0) dan tingkat keidentikan lebih sedikit dengan BSV-K1 (IS = 99.6). BSV-KB bersama dengan BSV-K1 dan BSV-K3 merupakan anggota dari BSOLV dengan nilai IS > 90. BSV-RS memiliki nilai similiaritas tinggi dengan BSV-RB (IS = 99,7), namun memiliki tingkat similaritas kurang dari 80% dengan isolate BSV lain digunakan (BSCavV, BSGFV, BSImV, BSMYV, dan BSOLV). Kontruksi pohon filogenetika menunjukkan bahwa BSV-RB dan BSV-RS membentuk *group* tersendiri dengan *ancestor* yang berbeda dari isolat BSV lain yang digunakan. Dengan demikian diperkirakan bahwa BSV-RB dan BSV-RS merupakan spesies yang berbeda dari BSOLV maupun BSV lain yang telah dikenal.

Kata kunci: *Banana streak virus* (BSV), *Musa* sp., hubungan kekerabatan

**DETECTION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF
BANANA STREAK VIRUS IN INDONESIA BASED ON
PARTIAL OPEN READING FRAMES III**

By

Estiyani Indraningsih

10/306284/PBI/960

ABSTRACT

Banana (*Musa* sp.) are horticultural commodities including in Indonesia seeded fruit. Viral infection is a threat not only productivity but also conservation of germplasm bananas. Banana streak virus (BSV), a member of the genus *Badnavirus*, *Caulimoviridae* reported to have infected banana plants in Indonesia, particularly in the area of West Java, Banten and Lampung. The manifestation of symptoms that can be induced by BSV are chlorosis, necrosis line, mosaic, or malformations. This study aims to detection and phylogenetic relationship of BSV in Indonesia with BSV isolate from others countries based on partial gene sequences of ORF III. Survey and the collection of samples done during July-September 2011 in Banana Germplasm Plantation of Yogyakarta. Detection of the virus is done using the Polymerase Chain Reaction (PCR) method using specific primers of BSV to samples of banana's leaves showing symptoms of streak disease and then sequencing was performed to the PCR product. Sequence homology analysis was performed by comparing sequences from other countries using *Basic Local Allignment Search Tool* (BLAST) programme. Phylogenetic analysis was performed with Maximum Likelihood method in MEGA 5.10 programme. Statistical analysis on internal branch using bootstrap 1000. The survey showed from 343 cultivars were planted, 35 of them showed symptoms of BSV infection. BSV detection using PCR method from the 35 samples taken, showed positive BSV on cultivar Raja seribu, Sobolondo, Ambon kecil, Ambon kuning, Raja bagus, Gading, Australi, and Kepok bawen. Sequencing was performed on BSV isolates taken from cultivar Raja seribu (BSV-RS), Raja bagus (BSV-RB), and Kepok bawen (BSV-KB). Analysis of phylogenetic showed that BSV-KB synonymous with BSV-K3 (IS = 100.0) and less identic with BSV-K1 (IS = 99.6). BSV-KB, BSV-K1 and BSV-K3 is a member of BSOLV with IS value > 90. BSV-RS has a high value similarities with BSV-RB (IS = 99.7), but has degree of similarity less than 80% with others BSV isolate are used (BSCavV, BSGFV, BSImV, BSMYV, dan BSOLV). Construction of phylogenetic trees showed that the BSV-RB and BSV-RS formed a separate group with a different ancestor of another BSV isolates used. Thus it is estimated that BSV-RB and BSV-RS is a different species from BSOLV or other known BSV.

Keywords: *Banana streak virus (BSV), Musa sp., phylogenetic*