

# BAB I PENDAHULUAN

## A. Latar Belakang

Cabai (*Capsicum annuum* L.) merupakan salah satu komoditi sayuran penting di provinsi Sumatera Barat. Cita rasa yang khas membuat cabai sangat diminati dan dijadikan bahan baku masakan. Hal ini mengakibatkan permintaan cabai di kalangan masyarakat tinggi dan hampir seluruh kabupaten/kota di Sumatera Barat membudidayakan tanaman ini. Meskipun begitu, dalam proses budidaya tanaman cabai sering ditemui serangan penyakit kuning keriting.

Penyakit kuning keriting merupakan penyakit yang disebabkan *Pepper Yellow Leaf Curl Virus* (PePYLCV), genus begomovirus, dan family *Geminiviridae* (virus Gemini). Di Sumatera Barat virus Gemini ini pertama kali ditemukan pada tahun 2004 dengan tingkat keparahan penyakit 67,19%. Trisno *et al.*, (2009) menyatakan bahwa penyakit ini sudah menjadi pandemik di seluruh pertanaman cabai di Sumatera Barat dengan intensitas serangan 37,5-95%. Trizelia *et al.*, (2019) juga melaporkan bahwa penyakit ini telah mengakibatkan kehilangan hasil pada tanaman cabai yang sangat signifikan mencapai 100%.

Untuk mengatasi masalah ini, pengendalian klasik berupa tindakan preventif sudah sering dilakukan. Pengendalian tersebut meliputi penggunaan benih varietas unggul, rotasi tanaman, penanaman tanaman pagar, penggunaan musuh alami, dan pemakaian insektisida alami maupun sintetik. Namun tindakan tersebut dinilai belum efisien, karena membutuhkan waktu yang lama, biaya yang besar serta berdampak buruk terhadap lingkungan. Menurut Whitham (2016) strategi pengendalian konvensional tidak efektif terutama karena virus bermutasi dengan cepat. Selain itu antivirus untuk virus Gemini juga belum tersedia hingga saat ini.

Strategi berbasis molekuler seperti teknologi *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat* (CRISPR) menjadi solusi pengendalian virus Gemini. Teknologi ini telah teruji pada beberapa tanaman seperti tembakau (Nekrasov *et al.*,

2013), *Arabidopsis* (Xing *et al.*, 2014), tomat (Brooks *et al.*, 2014), jagung (Svitashevet *et al.*, 2015), kedelai (Li *et al.*, 2015), padi (Xu *et al.*, 2017). Namun, belum ada laporan mengenai penerapan teknologi CRISPR pada tanaman cabai.

Salah satu syarat yang dibutuhkan dalam teknologi CRISPR adalah material genetic terutama genomik dari virus Gemini. Informasi genomic ini bias digunakan sebagai strategi *knock down* gen pada virus Gemini. *Knock down* berguna dalam memperkecil terjadinya mutasi dari virus Gemini baik antar spesies maupun genus. Pada penelitian Ali *et al.*, (2015) berhasil mengatasi mutasi pada daerah *Intergenic region* (IR) di tingkat genus meliputi *Beet Curly Top Virus* (BCTV) (genus Curtovirus), *Merremia Mosaic Virus* (MeMV) dan *Tomato Yellow Leaf Curl Virus* (genus Begomovirus).

Strategi *knock down* juga bisa dengan mendesain gRNA yang berfungsi menghambat ekspresi gen penting virus Gemini. Roy *et al.*, (2019) melaporkan bahwa telah dilakukan *knock down* beberapa gen penting seperti V2/V1 dan C1/C4 pada *chilli leaf curl virus* (ChiLCV) secara bersamaan. Ketika gRNA tersebut diaplikasikan pada tanaman tembakau menurunkan akumulasi virus sertamenghambat patogenisitas virus hingga 100%.

Pentingnya material genomik pada teknologi CRISPR, maka dibutuhkan informasi mengenai daerah genomik yang sering mengalami mutasi. Adapun hal yang dapat dilakukan untuk memperoleh informasi mutasi dengan membandingkan genom virus Gemini antar daerah. Jamsari *et al.*, (2016) telah membandingkan dua isolat yang berasal dari Sumatera Barat yaitu PepYLCV-TDWS (Tanah Datar) dan PepYLCV-PSSWS (Pesisir Selatan). C1 dan C4 dilaporkan sebagai daerah yang sering mengalami mutasi terbukti dengan tingkat kemiripan antar sekuen ini secara berturut-turut 78% dan 85%. Padahal C1 dan C4 merupakan gen yang berperan dalam patogenitas dari penyakit kuning keriting.

Penelitian ini merupakan penelitian lanjutan setelah berhasil diidentifikasi dua isolat yang berasal dari Tanah Datar dan Pesisir Selatan. Kedua daerah ini diketahui daerah dengan ketinggian berbeda namun PepYLCV tetap ditemukan pada kedua daerah tersebut. Selain kedua daerah tersebut, Alahan Panjang juga diketahui

memiliki kondisi topografi yang berbeda dengan kedua daerah tersebut. Hal ini menjadi penting mengingat Alahan Panjang juga sebagai kontributor daerah penghasil cabai. Namun, belum ada laporan mengenai isolate PepYLCV dari daerah ini. Berdasarkan latar belakang tersebut telah dilakukan penelitian **“Karakteristik Sekuens Isolat PepYLCV Penyebab Penyakit Kuning Keriting Tanaman Cabai Asal Alahan Panjang Sumatera Barat”**.

## **B. Rumusan Masalah**

Adapun rumusan masalah penelitian ini:

1. Berapakah ukuran genom PepYLCV-Alahan Panjang Sumatera Barat (PepYLCV Alahan Panjang West Sumatera/PepYLCV-APWS)?
2. Apakah terdapat perbedaan karakteristik sekuens genom antara PepYLCV-APWS dengan isolat PepYLCV lainnya yang ada di Sumatera Barat?

## **C. Tujuan Penelitian**

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan ukuran genom PepYLCV-APWS dan perbedaan karakteristiknya sekuens genomnya dengan isolat PepYLCV lainnya yang ada di Sumatera Barat.

## **D. Manfaat Penelitian**

Penelitian ini akan memberikan manfaat berupa informasi perbedaan karakteristik sekuens PepYLCV-APWS. Informasi ini akan bermanfaat dalam penerapan teknologi *genome editing* sebagai strategi pengendalian penyakit kuning keriting pada tanaman cabai di Sumatera Barat.