

Identification of Begomoviruses Causing Yellow Curl Disease in Chilli in West Java

Nurul Wiridannisaa^{1*}, Niken Nur Kasim¹, Prihatin Prihatin²

¹Program Studi Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian dan Kehutanan, Universitas Sulawesi Barat, Majene, Indonesia;

²Program Studi Teknologi Pangan, Jurusan Teknologi Produksi dan Industri, Institut Teknologi Bacharuddin Jusuf Habibie, Kota Parepare, Indonesia;

Article History

Received : July 28th, 2025

Revised : July 29th, 2025

Accepted : July 31th, 2025

*Corresponding Author:

Nurul Wiridannisaa,

Program Studi

Agroekoteknologi, Fakultas

Pertanian dan Kehutanan,

Universitas Sulawesi Barat,

Majene, Indonesia;

Email:

nurulwirid@unsulbar.ac.id

Abstract: Begomoviruses are among the most destructive plant viruses infecting chili (*Capsicum annuum* L.), leading to significant yield losses in tropical and subtropical regions. In Indonesia, particularly in West Java, the incidence of viral diseases in chili plants has increased, yet molecular identification of the causal agents remains limited. This study aimed to detect and characterize Begomovirus infections in chili plants from Cianjur and Bogor using molecular techniques. Symptomatic leaf samples showing chlorosis, curling, and stunted growth were collected and analyzed using *Polymerase Chain Reaction* (PCR) with universal Begomovirus primers (SPG1/SPG2). Amplicons were sequenced and compared using BLAST analysis to determine nucleotide identity and phylogenetic relationships. Results showed that all tested samples were positively infected with Begomovirus, with sequence homologies ranging from 87% to 96% with *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV). Phylogenetic analysis revealed that isolates from Cianjur and Bogor clustered differently, indicating genetic variability possibly influenced by agroecological conditions and seed exchange practices. Findings highlight the presence of multiple Begomovirus species infecting chili in West Java and underscore the importance of early molecular detection in managing viral diseases. It is recommended that integrated disease management strategies be developed, including the use of virus-free seedlings, resistant cultivars, and region-specific monitoring systems.

Keywords: Begomovirus, Molecular detection, PCR, Phylogenetic analysis.

Pendahuluan

Virus tumbuhan salah satu agen biotik utama yang dapat menghambat produktivitas tanaman budidaya dan mengancam ketahanan pangan global. Dalam sistem agroekologi tropis, keberadaan virus tumbuhan menjadi perhatian serius karena kemampuannya menyebar secara cepat dan menginfeksi berbagai spesies inang dengan gejala yang kompleks. Salah satu kelompok virus yang memiliki dampak ekonomi terbesar dalam sistem pertanian hortikultura adalah virus dari famili *Geminiviridae*. Geminivirus merupakan kelompok virus DNA untai tunggal (ssDNA) yang menginfeksi tanaman dikotil dan telah dilaporkan sebagai penyebab utama berbagai penyakit penting pada

tanaman hortikultura di berbagai belahan dunia. Beberapa genus dalam kelompok ini, antara lain Begomovirus, Mastrevirus, Curtovirus, dan Topocovirus, memiliki karakteristik berbeda dalam hal genom, gejala, dan vektor penular.

Begomovirus diketahui sebagai genus yang paling luas penyebarannya dan paling merugikan secara ekonomi, terutama di wilayah tropis dan subtropis (Morya *et al.*, 2014). Penyebaran virus ini diperantarai oleh *Bemisia tabaci* (kutu kebul) yang merupakan vektor utama dengan pola penularan secara persisten sirkulatif, yang memungkinkan virus bertahan dan berpindah antar tanaman tanpa kehilangan infektivitasnya (Idris *et al.*, 2001; Brown & Czosnek, 2002). Gejala infeksi Begomovirus bervariasi tergantung pada jenis inang dan faktor

lingkungan, termasuk umur tanaman, kultivar, genotipe, serta fase pertumbuhan (Sudiono *et al.*, 2005).

Gejala pada tanaman tembakau dapat dijumpai gejala mosaik, klorosis sistemik, daun keriting, dan pertumbuhan kerdil (Sutrawati *et al.*, 2023), sementara pada tanaman timun, gejalanya lebih ringan dan tidak disertai keriting daun (Haerunisa *et al.*, 2016). Selain itu, interaksi dengan virus lain (infeksi campuran) dan kondisi agroklimat juga memengaruhi keparahan penyakit (Matthews, 1992; Annisaa *et al.*, 2021). Di Indonesia, Begomovirus telah dilaporkan menyerang berbagai tanaman hortikultura, salah satunya adalah cabai (*Capsicum annuum* L.), yang memiliki nilai ekonomi tinggi dan menjadi komoditas unggulan nasional (Hidayat *et al.*, 2006; Gaswanto *et al.*, 2016; Sidik, 2021).

Namun demikian, hingga saat ini, kajian mengenai identifikasi molekuler Begomovirus secara langsung dari lapangan, khususnya di sentra produksi cabai seperti di wilayah Jawa Barat (Bogor dan Cianjur), masih sangat terbatas. Hal ini menyulitkan pemetaan sebaran virus serta perumusan strategi pengendalian yang efektif berbasis deteksi dini. Metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) termasuk metode yang esensial untuk mendeteksi dan mengidentifikasi virus secara akurat dan memiliki sensitivitas dan spesifisitas tinggi (Rojas *et al.*, 1993; Santoso *et al.*, 2015). Primer universal seperti SPG1/SPG2 telah terbukti mampu mendeteksi berbagai isolat Begomovirus, bahkan dari jaringan tanaman yang menunjukkan gejala awal infeksi (Li *et al.*, 2004; Haerunisa *et al.*, 2016; Defitra *et al.*, 2025). Selanjutnya, analisis sekuen DNA hasil amplifikasi PCR, juga penting untuk mengungkap identitas virus hingga tingkat spesies serta menelusuri kekerabatannya dengan isolat lain di wilayah tropis.

Berdasarkan latar belakang tersebut, tujuan penelitian ini untuk mendeteksi dan mendeteksi dan mengidentifikasi keberadaan Begomovirus pada tanaman cabai yang menunjukkan gejala khas infeksi virus di dua lokasi utama pertanaman di Jawa Barat, yaitu Kecamatan Ciampea (Bogor) dan Kecamatan Pacet (Cianjur), dengan menggunakan pendekatan PCR dan analisis sekuen DNA. Urgensi penelitian ini terletak pada pentingnya informasi virologi berbasis molekuler dari lapangan yang dapat menjadi dasar dalam merumuskan strategi

pengelolaan penyakit virus secara terpadu dan spesifik lokasi.

Bahan dan Metode

Tempat dan Waktu Penelitian

Sampel tanaman cabai diambil di Kecamatan Ciampea, Kabupaten Bogor dan Kecamatan Pacet, Kabupaten Cianjur, Provinsi Jawa Barat. Proses deteksi dan identifikasi virus dilakukan di Laboratorium Virologi, Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, IPB University.

Metode penelitian

Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA total tanaman mengacu pada metode Doyle dan Doyle (1999). Sebanyak 100 mg daun digerus dalam mortar dengan tambahan nitrogen cair. Larutan buffer *cetyl trimethyl ammonium bromide buffer* (CTAB) (1:10) disiapkan dengan mencampurkan 10 ml CTAB 10%, 2 ml EDTA, 5 ml Tris-HCl, 12,6 ml NaCl, dan 20,4 ml dH₂O, kemudian ditambahkan 1% β-merkaptoetanol. Campuran diinkubasi pada suhu 70°C selama 60 menit, dengan pembalikan tabung setiap 10 menit untuk membantu proses lisis sel tanaman.

Menambahkan campuran kloroform: isoamil alkohol (24:1) dalam volume yang sama ke dalam tabung eppendorf, lalu dicampur menggunakan vorteks selama ±10 detik. Campuran disentrifugasi pada 12.000 rpm selama 15 menit. Supernatan ditambahkan 0,1 volume larutan natrium asetat 3 M (pH 5,2) dan 2/3 volume isopropanol. Campuran diinkubasi pada suhu -20°C, kemudian disentrifugasi pada 11.000 rpm selama 15 menit pada suhu 4°C. Pelet DNA dicuci dengan 500 µl etanol 70%, lalu disentrifugasi pada 8.000 rpm pada suhu 4°C selama 5 menit. Setelah dikeringkan, pelet DNA dilarutkan dalam 50 µl air bebas nuklease.

Amplifikasi DNA

Amplifikasi DNA target dilakukan menggunakan metode PCR. Reaksi PCR terdiri dari 1 µl DNA templat, 1 µl masing-masing primer (konsentrasi 1 µM), 10 µl campuran reagen dari DreamTaq Green PCR Master Mix (Thermo Scientific, US), dan akuades hingga volume akhir 20 µl. Reaksi amplifikasi

dijalankan menggunakan mesin PCR (GeneAmp PCR System 9700, PE Applied Biosystems) dengan program: denaturasi awal pada 94°C selama 5 menit; diikuti oleh 35 siklus yang masing-masing terdiri atas denaturasi pada 94°C selama 1 menit, penempelan primer pada 50°C selama 1 menit, dan ekstensi pada 72°C selama 1 menit. Tahap akhir dilakukan pada 72°C selama 5 menit dan disimpan pada 4°C. Primer SPG1/SPG2 digunakan untuk mengamplifikasi genom Begomovirus pada semua sampel uji.

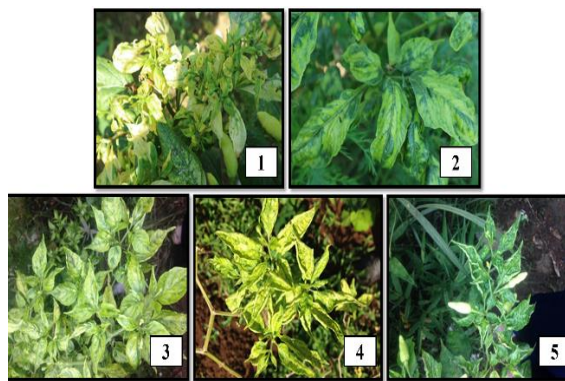
Perunutan dan Analisis Sikuen DNA

Produk amplifikasi DNA yang telah dipurifikasi digunakan sebagai sampel untuk proses sekuensing. Hasil sekuensing dianalisis secara awal menggunakan program BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) untuk menentukan kemiripan urutan. Analisis lanjutan dilakukan menggunakan perangkat lunak CLUSTAL_X dan MEGA 7 untuk menyelaraskan dan membuat pohon filogeni.

Hasil dan Pembahasan

Gejala Penyakit pada Tanaman Cabai

Hasil pengamatan di lapangan menunjukkan bahwa infeksi Begomovirus pada tanaman cabai menyebabkan beragam gejala visual pada bagian daun. Gejala yang teramati meliputi daun menguning, *vein banding*, keriting, memutih, *vein clearing*, pertumbuhan kerdil, *mottle*, mosaik, hingga *cupping* (daun menggulung ke atas) (Gambar 1).



Gambar 1. Morfologi gejala tanaman cabai yang ditemukan di Kabupaten Cianjur yaitu: (1) putih, *vein clearing*, keriting, kerdil; (2) *mottle*, *vein banding*. Bogor yaitu: (3) mosaik; (4) *cupping*, kuning; (5) *cupping*.

Daun yang terinfeksi menunjukkan deformasi bentuk dan ukuran, mengindikasikan adanya gangguan fisiologis akibat infeksi virus. Temuan ini sejalan dengan A'yun *et al.*, (2025) yang melaporkan bahwa deformasi daun pada tanaman terinfeksi Begomovirus diawali oleh pengerutan, perubahan bentuk dan warna daun, yang selanjutnya berdampak pada kerontokan bunga dan buah sebelum waktunya.

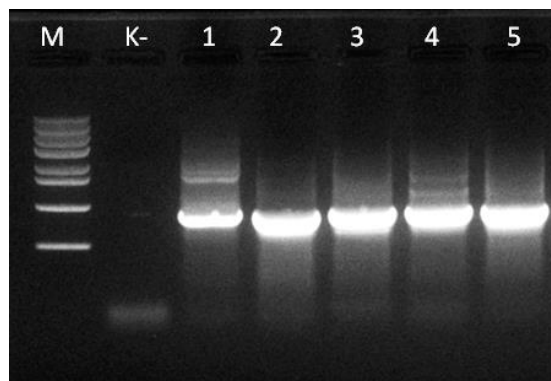
Tanaman cabai yang dikumpulkan dari Kabupaten Cianjur menunjukkan gejala infeksi yang lebih kompleks dibandingkan dengan lokasi lainnya. Gejala tersebut meliputi keriting daun yang parah, pertumbuhan tanaman yang terhambat (kerdil), serta perubahan warna daun yang mencolok, seperti kuning terang, *vein banding*, dan pola mosaik. Sementara itu, tanaman dari Kabupaten Bogor cenderung memperlihatkan gejala yang lebih seragam, yaitu daun yang menggulung ke atas (*cupping*) dan perubahan warna daun yang relatif homogen.

Perbedaan ini diduga dipengaruhi oleh kondisi agroekologi masing-masing lokasi. Menurut Badan Pusat Statistik Provinsi Jawa Barat (2025), Kabupaten Cianjur terletak pada ketinggian sekitar 454,66 mdpl dengan suhu berkisar antara 19°C, sedangkan Kabupaten Bogor berada pada ketinggian 129,41 mdpl dengan suhu rata-rata 21.6°C. Faktor lingkungan ini dapat memengaruhi dinamika interaksi antara tanaman inang, virus, dan vektor penular. Sesuai dengan yang diungkapkan Agrios (1997); Sudiono *et al.* (2005); Marianah (2020) bahwa keparahan gejala infeksi virus pada tanaman bergantung pada beberapa faktor, di antaranya umur tanaman saat infeksi terjadi, kondisi lingkungan yang mendukung replikasi virus, keberadaan dan populasi vektor, serta tingkat virulensi virus. Temuan gejala yang bervariasi di Cianjur juga dapat mengindikasikan adanya infeksi campuran atau dominasi virus dengan virulensi yang lebih tinggi, sementara homogenitas gejala di Bogor mungkin menunjukkan infeksi oleh strain virus yang serupa atau lingkungan yang kurang mendukung bagi penyebaran vektor secara luas.

Deteksi Begomovirus pada Tanaman Cabai dengan Metode PCR

Deteksi keberadaan Begomovirus pada tanaman cabai dilakukan menggunakan metode PCR dengan primer universal SPG1/2. Primer ini

dirancang untuk mengamplifikasi daerah genom Begomovirus pada posisi nukleotida 1490–2391, yang mencakup sebagian gen AC1 dan sebagian gen AC2 (Li *et al.*, 2004). Gen AC1 diketahui menyandi protein yang berperan dalam replikasi virus (*Replication associated protein/Rep*), sedangkan gen AC2 menyandi protein aktivator transkripsi (*Transcriptional activator protein/TrAP*) (Hanley-Bowdoin *et al.*, 2004; Shivaprasad *et al.*, 2005). Kedua gen ini merupakan bagian dari *open reading frame* (ORF) yang memiliki tingkat konservasi tinggi dalam genom Begomovirus, sehingga sangat efektif digunakan dalam deteksi molekuler. Hasil elektroforesis PCR ditampilkan pada Gambar 2. Pada gel, pita DNA yang teramplifikasi tampak jelas pada kolom 1 hingga 5, yang menunjukkan keberhasilan amplifikasi fragmen target Begomovirus dari sampel tanaman cabai yang diuji.



Gambar 2. Gel elektroforesis hasil amplifikasi Begomovirus menggunakan primer SPG1/2. (M): penanda DNA 1 kb; (K-): Kontrol negatif; (1 dan 2): sampel cabai asal Cianjur; (3,4, dan 5): sampel cabai asal Bogor.

Kolom 1 dan 2 mewakili sampel cabai asal Cianjur, sedangkan kolom 3, 4, dan 5 berasal dari daerah Bogor. Semua sampel menunjukkan pita DNA yang konsisten, menandakan adanya infeksi Begomovirus pada tanaman cabai dari kedua lokasi tersebut. Sebaliknya, tidak tampak pita pada kontrol negatif (K-), yang mengindikasikan tidak adanya kontaminasi atau amplifikasi non-spesifik dalam reaksi PCR.

Keberadaan pita amplifikasi pada semua sampel menunjukkan bahwa primer SPG1/2 bekerja secara efektif dalam mendeteksi Begomovirus pada cabai. Tingkat kemiripan nukleotida (nilai *similarity*) genus Begomovirus

besar dari 89% (King *et al.*, 2012; Aulia *et al.*, 2022). Temuan ini mendukung studi sebelumnya yang melaporkan bahwa daerah genom penyandi protein replikasi dan protein selubung virus dari geminivirus, termasuk Begomovirus, memiliki konservasi tinggi dan dapat dijadikan target dalam analisis kekerabatan virus. Dengan demikian, hasil ini tidak hanya mengonfirmasi infeksi Begomovirus pada sampel cabai, tetapi juga menguatkan validitas metode PCR menggunakan primer universal SPG1/2 sebagai alat diagnostik yang sensitif dan spesifik.

Tabel 1. Analisis Homologi Sikuen

Kode Sampel	Spesies	Identity (%)	No Akses GenBank
1	PYLCIV	94,93	LC381258.1
2	PYLCIV	96,06	LC381258.1
3	PYLCIV	94,76	PQ539481.1
4	PYLCIV	87,22	LC547427.1
5	PYLCIV	90,27	LC547428.1

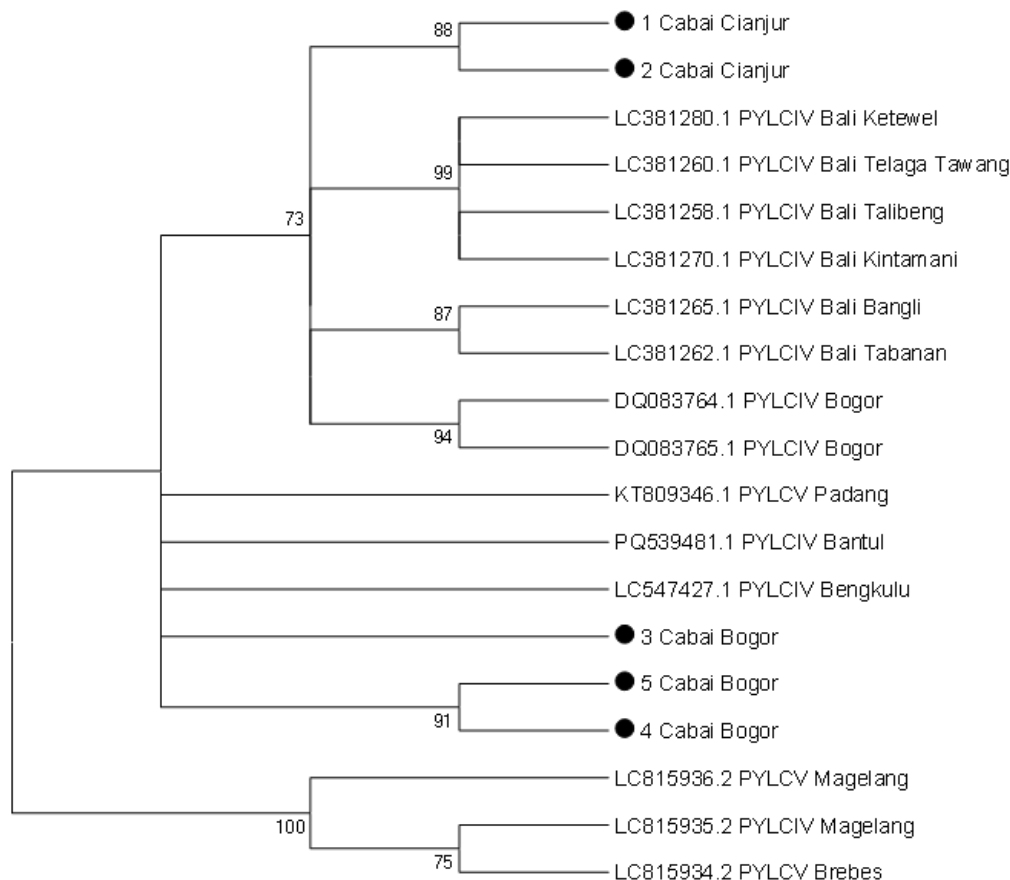
Sebanyak 5 sekuen nukleotida berhasil diperoleh dan digunakan untuk analisis homologi. Hasil pencocokan menggunakan program BLAST menunjukkan isolat virus yang ditemukan memiliki tingkat kemiripan tinggi dengan spesies Begomovirus, yaitu *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV). Isolat yang memiliki kemiripan basa nukleotida di atas 89% dapat dikategorikan sebagai spesies virus yang sama, dan apabila kemiripannya antara 91% hingga 95%, maka dapat dikelompokkan sebagai strain dari spesies yang sama (Fauquet & Stanley, 2005); Brown *et al.*, 2012). Berdasarkan kriteria ini, sebanyak 3 isolat dalam penelitian ini diklasifikasikan sebagai bagian dari spesies dan strain yang sama dengan sekuen acuan yang tersedia di GenBank.

Namun, isolat dengan kode sampel 4 menunjukkan tingkat homologi sebesar 87,22% yang mengindikasikan potensi keragaman atau keberadaan strain baru dari PYLCIV. Hal ini menguatkan pernyataan Mathews (1992) dan Fajarfika *et al.*, (2015) bahwa keragaman genetik virus tanaman di Indonesia dipengaruhi oleh interaksi kompleks antara vektor, lingkungan, dan pergerakan material tanam yang tidak terkendali. Analisis filogenetik berdasarkan sekuen yang diperoleh menunjukkan bahwa Begomovirus yang menginfeksi tanaman cabai dalam penelitian ini terdistribusi ke dalam

spesies PYLCIV yang berasal dari beberapa wilayah, yang ditunjukkan pada Gambar 3.

Analisis filogenetik memberikan gambaran tentang hubungan kekerabatan antar isolat virus berdasarkan kesamaan urutan DNA. Pohon filogenetik digunakan untuk

menunjukkan seberapa dekat hubungan antar isolat tersebut, yang mungkin berasal dari satu sumber genetik yang sama. Diagram pohon ini memperlihatkan percabangan yang menunjukkan tingkat kemiripan atau perbedaan genetik antar isolat (Mabrouk *et al.*, 2006).



Gambar 3. Pohon filogenetika *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* yang menginfeksi tanaman cabai di Cianjur dan Bogor. Analisis menggunakan perangkat MEGA 7.0 dengan metode *Neighbour Joining* dengan bootstrap 1000x

Lima isolat yang berasal dari dua lokasi (Cianjur dan Bogor) memiliki relasi evolusioner yang beragam namun berasal dari Indonesia. Penamaan spesies PYLCIV dalam GenBank didasarkan pada lokasi geografis pertama kali virus tersebut diidentifikasi. Di Indonesia, terdapat tiga nama spesies yang terdaftar, yaitu PYLCV, PYLCIV dan *Pepper yellow leaf curl Aceh virus* (PepYLCAV), yang berasal dari Provinsi Aceh.

Penelitian ini, dua isolat dari Cianjur (sampel 1 dan 2) membentuk satu klad yang berkerabat dekat dengan isolat PYLCIV asal Bali seperti dari Ketewel, Tabanan, dan Bangli. Klad

ini didukung nilai bootstrap sebesar 88%, menunjukkan tingkat kepercayaan tinggi dalam hubungan kekerabatan tersebut. Hubungan ini mengisyaratkan adanya jalur penyebaran atau asal-usul filogenetik yang sama antara isolat dari Cianjur dan Bali. Hal serupa juga ditemukan oleh Selangga *et al.*, (2022) yang menyatakan bahwa isolat PYLCIV dari Bali memiliki hubungan erat dengan PYLCIV yang sebelumnya dilaporkan menginfeksi cabai di Jawa.

Sebaliknya, tiga sampel dari Bogor (sampel 3, 4, dan 5) membentuk klad yang terpisah, dengan kedekatan terhadap isolat PYLCIV asal Bantul dan Bengkulu serta PYLCV

dari Padang. Perbedaan posisi filogenetik ini menunjukkan kemungkinan adanya tekanan evolusi lokal atau varian endemik yang berkembang di wilayah tersebut. Keragaman genetik pada virus, yang dapat muncul akibat perubahan gen di dalam virus, dapat mengakibatkan variasi gejala. Perubahan fungsi gen yang disebabkan oleh mutasi gen dapat mengubah virulensi virus atau gejala penyakit (Manzila *et al.*, 2012). Keberagaman klaster ini memperkuat temuan sebelumnya dari Annisaa *et al.*, (2021) yang menyatakan bahwa spesies Begomovirus di Indonesia menunjukkan variasi regional yang signifikan akibat tekanan seleksi lokal dan keberagaman agroekosistem.

Kesimpulan

Penelitian ini mengonfirmasi bahwa tanaman cabai di Kabupaten Cianjur dan Bogor menunjukkan gejala khas infeksi virus yang mengarah pada keberadaan *Begomovirus*. Deteksi molekuler menggunakan PCR dengan primer universal SPG1/SPG2 berhasil mengamplifikasi fragmen genetik *Begomovirus* pada seluruh sampel, menunjukkan efektivitas metode ini sebagai alat diagnostik yang andal. Analisis sekuens DNA mengidentifikasi keberadaan *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV), dengan variasi nukleotida yang mengindikasikan potensi strain lokal maupun varian baru. Temuan ini memberikan informasi penting terkait keragaman genetik virus sebagai dasar pengelolaan penyakit cabai berbasis wilayah.

Ucapan Teirma Kasih

Penulis menyampaikan apresiasi dan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi (Kemendiktisaintek) atas dukungan pendanaan melalui program Beasiswa Pendidikan Magister menuju Doktor untuk Sarjana Unggul (PMDSU), yang telah memungkinkan terlaksananya penelitian ini secara optimal. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Laboratorium Virologi Tumbuhan, Departemen Proteksi Tanaman, Institut Pertanian Bogor (IPB), atas izin dan fasilitas yang diberikan, sehingga kegiatan

penelitian dapat berjalan lancar dan menghasilkan data yang mendukung pembahasan dalam artikel ini.

Referensi

- A'yun, Q., Fitriani, B. N., Fardhani, D. M., & Nugraheni, I. A. (2025). Analisis insidensi virus gemini pada tanaman cabai (*Capsicum frutescens*). *Prosiding Seminar Nasional Penelitian Dan Pengabdian Kepada Masyarakat LPPM Universitas 'Aisyiyah Yogyakarta*, 3, 823–829. <https://proceeding.unisayogya.ac.id/index.php/prosemnaslppm/article/view/1226>
- Agrios, G. N. (1997). *Plant pathology*. Academic Press.
- Annisaa, N. W., Hidayat, P., Giyanto, Hidayat, S. H., & Lee, S. (2021). Multiple infections of *Begomovirus* on its host plants. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 694(1), 012047. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/694/1/012047>
- Aulia, E., Sutrawati, M., & Pamekas, T. (2022). Deteksi molekuler dan analisis genetik *Begomovirus* pada tanaman cabai di Desa Pematang Donok. *Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian Indonesia*, 24(2), 69–74. <https://doi.org/10.31186/jipi.24.2.69-74>
- Badan Pusat Statistik Provinsi Jawa Barat. (2025). *Provinsi Jawa Barat dalam angka 2025 / Jawa Barat Province in Figures 2025* (Vol. 50, No. Publikasi 32000.25001; Katalog 1102001.32). BPS Provinsi Jawa Barat, Bandung, pp: 11-15. ISSN 0215–2169. <https://shorturl.at/9ACKD>
- Brown, J. K., & Czosnek, H. (2002). Whitefly transmission of plant viruses. In *Advances in Botanical Research* (Vol. 36, pp. 65–76, IN1–IN2, 77–100). Academic Press Inc. [https://doi.org/10.1016/s0065-2296\(02\)36059-2](https://doi.org/10.1016/s0065-2296(02)36059-2)
- Defitra, N. K., Zahra, H. A., Surwadinata, A., Saputra, R., Subiastuti, A. S., Ali, M. A. H., & Santosa, A. I. (2025). Evaluation of Krusty/Homer and SPG1/SPG2 primer pairs in identification of six *Begomoviruses* commonly found in Indonesia. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 10(2),

- jtb15670.
<https://doi.org/10.22146/jtbb.15670>
- Fajarfika, R., Hartono, S., Sulandari, S., & Somowiyarjo, S. (2015). Deteksi molekuler penyebab penyakit kuning (Tomato chlorosis virus dan Tomato infectious chlorosis virus) pada tanaman tomat. *Jurnal Perlindungan Tanaman Indonesia*, 19(2), 80–88.
<https://doi.org/10.22146/jpti.17250>
- Fauquet, C. M., & Stanley, J. (2005). Revising the way we conceive and name viruses below the species level: a review of geminivirus taxonomy calls for new standardized isolate descriptors. *Archives of virology*, 150(10), 2151–2179.
<https://doi.org/10.1007/s00705-005-0583-0>
- Gaswanto, R., Syukur, M., Hidayat, S., & Gunaeni, N. (2016). Identifikasi gejala dan kisaran inang enam isolat *Begomovirus* cabai di Indonesia. *Jurnal Hortikultura*, 26(2), 223–234.
<https://doi.org/10.21082/jhort.v26n2.2016.p223-234>
- Haerunisa, R., Suastika, G., & Damayanti, T. A. (2016). Identifikasi *Begomovirus* yang berasosiasi dengan penyakit kuning pada mentimun di Jawa Barat dan Bali. *Jurnal Hortikultura Indonesia (JHI)*, 7(1), 9–20.
<https://doi.org/10.29244/jhi.7.1.9-20>
- Hidayat, S. H., Chatchawankanpanich, O., Rusli, E., & Aidawati, N. (2006). *Begomovirus* associated with Pepper yellow leaf curl disease in West Java, Indonesia. *Journal of Indonesian Microbiology*, 11(2), 87–89.
<https://encr.pw/1Vcve>
- Idris, A. M., Smith, S. E., & Brown, J. K. (2001). Ingestion, transmission, and persistence of Chino del tomate virus (CdTV), a New World *Begomovirus*, by Old and New World biotypes of the whitefly vector *Bemisia tabaci*. *Annals of Applied Biology*, 139, 145–154.
<https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2001.tb00139.x>
- King, A. M. Q., Adams, M. J., Carstens, E. B., & Lefkowitz, E. J. (2012). *Virus taxonomy: Classification and nomenclature of viruses*. Academic Press.
<https://11nq.com/g4z8n>
- Li, R., Salih, S., & Hurtt, S. (2004). Detection of Geminiviruses in sweetpotato by polymerase chain reaction. *Plant Disease*, 88(12), 1347–1351.
<https://doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.12.1347>
- Mabrouk, M. S., Hamdy, M., Mamdouh, M., Aboelfotoh, M., & Kadah, Y. M. (2006). BIOINFTool: Bioinformatics and sequence data analysis in molecular biology using Matlab. In *Proceedings of the Cairo International Biomedical Engineering Conference* (pp. 1–9).
https://www.k-space.org/Publications/papers/CIBEC06_API_4.pdf
- Manzila, I., Hidayat, S. H., Mariska, I., & Sujiprihati, S. (2012). Analisis gen selubung protein *Chilli Veinal Mottle Potyvirus* dari beberapa daerah di Indonesia. *Jurnal AgroBiogen*, 8(1), 27–37. [10.21082/jbio.v8n1.2012.p27-37](https://doi.org/10.21082/jbio.v8n1.2012.p27-37)
- Marianah, L. (2020). Serangga vektor dan intensitas penyakit virus pada tanaman cabai merah. *AgriHumanis: Journal of Agriculture and Human Resource Development Studies*, 1(2), 127–134.
<https://media.neliti.com/media/publication/s/360187-none-0d00a48e.pdf>
- Mathews, R. E. F. (1992). *Fundamentals of plant virology*. Academic Press Inc.
- Morya, V. K., Singh, Y., Singh, B. K., & Thomas, G. (2014). Ecogenomics of Geminivirus from India and neighbor countries: An in silico analysis of recombination phenomenon. *Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences*, Advance online publication.
<https://doi.org/10.1007/s12539-014-0209-x>
- Rojas, M. R., Gilbertson, R. L., Russel, D. R., & Maxwell, D. P. (1993). Use of degenerate primers in the polymerase chain reaction to detect whitefly-transmitted geminivirus. *Plant Disease*, 77, 340–347.
https://www.apsnet.org/publications/PlantDisease/BackIssues/Documents/1993Abstracts/PD_77_340.htm
- Santoso, T. J., Hidayat, S. H., Herman, M., & Sudarsono. (2015). Aplikasi teknik polymerase chain reaction (PCR) menggunakan primer degenerate dan

- spesifik gen AV1 untuk mendeteksi *Begomovirus* pada tomat (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Jurnal Hortikultura Indonesia (JHI)*, 4(3), 140–149. <https://doi.org/10.29244/jhi.4.3.140-149>
- Selangga, D. G. W., Wiyono, S., Susila, A. D., & Hidayat, S. H. (2022). Distribution and identification of *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* infecting chili pepper in Bali Island. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*, 17(6), 217–224. <https://doi.org/10.14692/jfi.17.6.217-224>
- Sidik, E. (2021). Deteksi molekuler asosiasi *Begomovirus* dengan penyakit keriting kuning cabai di Pakis dan Banyuwirup, Magelang Indonesia. *VIGOR: Jurnal Ilmu Pertanian Tropika dan Subtropika*, 6, 1–6. <https://doi.org/10.31002/vigor.v6i1.3794>
- Sudiono, Y., Yasin, N., Hidayat, S. H., & Hidayat, P. (2005). Penyebaran dan deteksi molekuler virus Gemini penyebab penyakit kuning pada tanaman cabai di Sumatera. *Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan Tropika*, 5(2), 113–121. <https://doi.org/10.23960/j.hptt.25113-121>
- Sutrawati, M., Nadrawati, Djamilah, & Aulia, E. (2023). Deteksi dan identifikasi *Begomovirus* pada tembakau yang ditanam tumpang sari dengan tanaman cabai. *Jurnal Agrikultura*, 34(3), 369–374. <https://doi.org/10.24198/agrikultura.v34i3.47941>