



DETEKSI MOLEKULER DAN ANALISIS GENETIK *BEGOMOVIRUS* PADA TANAMAN CABAI DI DESA PEMATANG DONOK

Ewa Aulia¹, Mimi Sutrawati^{2*}, Tunjung Pamekas²

¹Program Studi Magister Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian Universitas Bengkulu

²Program Studi Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian Universitas Bengkulu

*Corresponding Author: mimi_sutrawati@unib.ac.id

ABSTRACT

[MOLECULAR DETECTION AND GENETIC ANALYSIS OF *BEGOMOVIRUS* ON CHILLI IN PEMATANG DONOK VILLAGE]. Many symptoms of yellow curly leaf disease, but there have been no reports of viral species infected the chili plants. The research was aimed to determine the disease incidence of yellow leafcurl disease and detection of Begomovirus infected chilli plants in Kepahiang regency based on polymerase chain reaction (PCR). Sampling was done by purposive sampling method based on the symptoms; yellow leafcurl, leaf malformation, and stunting. Virus detection with PCR method using general primer *Begomovirus* (SPG 1/2). The PCR product was sent to First Base, Malaysia for DNA sequencing. Sequencing data were analyzed using MEGA 6 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) software for phylogenetic tree construction. Based on field observations, the incidence of disease ranged from 96.4%-100% and the whitefly vector insect (*Bemisia tabaci*) was found. PCR using general primers *Begomovirus* obtained DNA bands measuring 912 bp according to the primary target. Based on the Blastn results, the nucleotide sequences of three Begomovirus samples from Pematang Donok Village had nucleotide similarities with the *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV) isolates from Bali and Java contained in the GenBank database, with a nucleotide similarity value of 91.77%-98.99%.

Keyword: *Begomovirus, general primer, leaf curl, phylogenetic tree*

ABSTRAK

Tujuan penelitian ini adalah menghitung insidensi penyakit virus pada tanaman cabai dan mendeteksi penyebab penyakit tersebut pada tanaman cabai di Kab. Kepahiang. Pengambilan sampel dilakukan dengan metode *purposive sampling* berdasarkan gejala tanaman cabai berupa daun kuning keriting, malformasi daun, mosaik, dan kerdil. Deteksi virus dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR) menggunakan *general primer Begomovirus* (SPG 1/2). Produk hasil PCR dikirim ke *First Base*, Malaysia untuk dilakukan sekuensing DNA. Data sekuensing dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA 6 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) untuk konstruksi pohon filogenik. Berdasarkan hasil pengamatan di lapangan insidensi penyakit berkisar antara 96.4%-100% serta ditemukan serangga vektor kutu kebul (*Bemisia tabaci*). PCR menggunakan *general primer Begomovirus* mendapatkan pita DNA berukuran 912 pb sesuai target primer. Berdasarkan hasil *Blastn* terhadap runutan nukleotida dari tiga sampel *Begomovirus* asal Desa Pematang Donok memiliki kemiripan nukleotida sebesar 91.77 - 98.99% dengan isolat *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV) asal Bali dan Jawa yang terdapat di *database GenBank*.

Kata kunci: *Begomovirus.keriting kuning, primer general, pohon filogeni*

PENDAHULUAN

Genus *Begomovirus* berasal dari famili Geminiviridae yang menyebabkan penyakit daun kuning keriting. Tanaman yang terinfeksi *Begomovirus* memiliki gejala berupa mosaik, ukuran daun mengecil, daun menggulung atau keriting, serta tanaman kerdil (Saxena & Tiwari, 2017). *Begomovirus* ditemukan menginfeksi tanaman tembakau, cabai, tomat, timun (Septariani *et al.*, 2014), melon (Wilisiani *et al.*, 2014), kedelai (Sutrawati *et al.*, 2020), terung, kacang buncis, kacang panjang, dan gulma babadotan (Gaswanto *et al.*, 2016). Gejala penyakit berupa kuning keriting pada tanaman cabai banyak ditemukan di lahan budidaya cabai di Bengkulu, termasuk di salah satu sentra budidaya cabai yaitu Desa Pematang Donok, Kabupaten Kepahiang. Gejala penyakit pada tanaman cabai berupa daun keriting kuning, malformasi, kerdil ditemukan dengan insidensi tinggi pada hampir semua pertanaman cabai di Desa Pematang Donok sebagai salah satu sentra budidaya cabai di Kabupaten Kepahiang.

Tanaman cabai yang terinfeksi *Begomovirus* memiliki gejala khas berupa mosaik kuning, belang, keriting, mosaik hijau, daun menggulung ke atas dan atau ke bawah serta tanaman menjadi kerdil (Selangga, 2019) infeksi *Begomovirus* juga dapat menyebabkan bunga menjadi rontok dan tidak menghasilkan buah (Windarningsih *et al.*, 2018). Penularan *Begomovirus* dapat terjadi melalui penyambungan (Rusli *et al.*, 1999) melalui serangga vektor kutu kebul (*Bemisia tabaci*) dan secara mekanis melalui tahap kloning (King *et al.*, 2012).

Deteksi virus dilakukan menggunakan teknik *Polymerase chain reaction* (PCR). Menurut Suprayogi *et al.* (2013) PCR merupakan teknik perbanyakan (amplifikasi) sekuen asam nukleat secara *in vitro* menggunakan polimerisasi berulang dari sekuen DNA yang melibatkan kerja enzim polimerase. Asam nukleat yang diduplikasi dijadikan cetakan untuk pembuatan asam nukleat duplikatnya. Anggraini & Hidayat (2014) melaporkan keunggulan teknik PCR yaitu sensitif, akurat, dan efisien dalam penggunaan waktu dan tenaga, serta mampu mendeteksi virus dari jaringan tanaman dengan konsentrasi virus yang rendah. Pada penelitian ini dilakukan deteksi virus secara molekuler karena identifikasi penyakit berdasarkan gejala saja tidak cukup untuk mendiagnosis penyebab penyakit tanaman. Virus tanaman yang sama dapat menyebabkan gejala berbeda, demikian sebaliknya tanaman yang diinfeksi virus berbeda dapat menunjukkan gejala yang serupa.

Produk PCR selanjutnya digunakan untuk sekuensing yang bertujuan untuk mendapatkan runutan nukleotida dan untuk menganalisis kekerabatan runutan nukleotida sampel dengan nukleotida lainnya yang ada di *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Pendekatan ini dilakukan untuk mengidentifikasi

Begomovirus berdasarkan hmlogi sikuen DNA. Menurut Suprayogi *et al.* (2013) DNA hasil PCR juga dapat digunakan untuk penyusunan filogenik sehingga diperoleh informasi yang akurat tentang keragaman ataupun kedekatan genetik virus yang diperoleh. Filogenik merupakan salah satu metode untuk melihat keanekaragaman tanaman, hewan, dan organisme dengan rekonstruksi hubungan kekerabatan (*phylogenetic relationship*).

Penelitian ini dilakukan untuk menghitung insidensi penyakit virus dengan gejala kuning keriting, mosaik hijau tua hijau muda, malformasi daun dan tanaman kerdil, dan mendeteksi virus penyebab gejala penyakit tersebut. Deteksi virus dilakukan dengan teknik PCR dan dilanjutkan identifikasi berdasarkan analisis sikuen DNA virus.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini dilakukan pada bulan Agustus sampai Desember 2020 bertempat di Desa Pematang Donok, Kecamatan Kabawetan, Kabupaten Kepahiang, Provinsi Bengkulu dan di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Bengkulu. Pengambilan sampel dilakukan dengan menggunakan metode *purposive sampling*. Penelitian dilakukan pada lahan cabai merah keriting varietas Lembang 1 yang berumur 9 MST sampai dengan 14 MST (fase generatif).

Insidensi Penyakit Kuning Keriting

Insidensi penyakit dihitung berdasarkan gejala pada tanaman cabai dengan rumus:

$$IP = \frac{\text{Jumlah tanaman bergejala}}{\text{Jumlah tanaman yang diamati}} \times 100\%$$

Pemilihan sampel sebanyak 10% dari total populasi tanaman yang diamati dilanjutkan dengan deteksi virus. Pengambilan sampel dilakukan pada minggu ke-4 pengamatan saat tanaman berumur 12 MST.

Deteksi *Begomovirus* dengan Metode PCR

Ekstraksi DNA Total

Ekstraksi DNA total tanaman dilakukan dengan menggunakan metode CTAB (*Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*), mengikuti metode yang dilakukan Doyle & Doyle (1987). Sampel tanaman berupa jaringan daun di timbang sebanyak 0.1 gram dan digerus dengan menggunakan mortal dan pistil dengan menambahkan nitrogen cair. Setelah menjadi serbuk, dipindahkan ke tabung ukuran 1.5 mL,

tambahkan CTAB bufer 500 μl + 5 μl β -ME dan dibolak balik agar tercampur, inkubasi pada suhu 65°C selama 60 menit (bolak-balik setiap 10 menit). Selanjutnya tabung diambil dan diletakkan di dalam rak tabung dan didiamkan selama \pm 2 menit. Tambahkan *chloroform: isoamyl alcohol* dengan perbandingan (24:1) sebanyak 500 μl dan vortek selama 5 menit. Kemudian disentrifugasi pada kecepatan 12.000 rpm selama 15 menit maka akan terjadi pemisahan cairan berupa pengendapan yang disebut pelet dan cairan di atas pelet disebut supernatan. Supernatan diambil dengan menggunakan *micropipette* dan pindahkan ke tabung baru ukuran 1.5 mL, selanjutnya ditambahkan Sodium Asetat (CH_3COOK) sebanyak 1/10 dari volume supernatan dan dibolak balik agar tercampur. Kemudian tambahkan isopropanol sebanyak 2/3 dari volume supernatan dan diinkubasi semalam pada suhu -20°C. Setelah waktu inkubasi selesai dan diinkubasi pada suhu ruang selama 1 menit. Kemudian disentrifugasi pada kecepatan 12.000 rpm selama 10 menit. Selanjutnya buang supernatan dengan hati-hati (terlihat pelet DNA yang menempel pada dinding tabung). Selanjutnya ditambahkan 500 μl etanol 70%, kemudian disentrifugasi pada kecepatan 8.000 rpm selama 5 menit. Selanjutnya etanol dibuang dan tabung yang berisi pelet DNA dikering-anginkan, setelah kering tambahkan *Nuklease-free Water* sebanyak 50 μl .

Amplifikasi DNA

Amplifikasi DNA dengan teknik PCR menggunakan *general primer Begomovirus* SPG1 dan SPG2 yang mengamplifikasi bagian gen TrAP dan Rep yang berukuran \pm 912 bp. Komposisi reagen dalam reaksi amplifikasi ialah 1 μl DNA template, 1 μl primer SPG 1, 1 μl primer SPG 2, 9.5 μl *Nuklease-free Water*, dan 12.5 μl *Green Taq DNA Polymerase*. Program amplifikasi dilakukan sebanyak 35 siklus dengan tahapan sebagai berikut : predenaturasi pada suhu 94 °C selama 5 menit, denaturasi pada suhu 94 °C selama 1 menit, *annealing* pada suhu 59 °C selama 1 menit, sintesis DNA pada suhu 72 °C selama 1 menit, pemanjangan akhir pada suhu 72 °C selama 10 menit dan suhu 4 °C untuk suhu penyimpanan (Li *et al.*, 2004).

Visualisasi Produk PCR

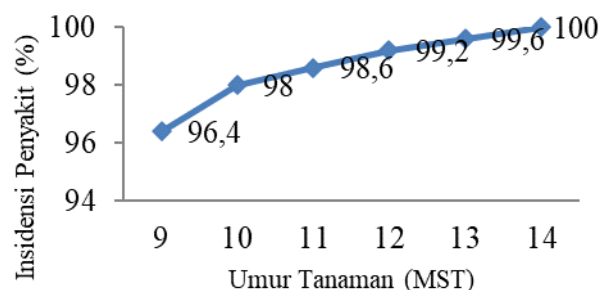
Dalam visualisasi produk PCR dibutuhkan pembuatan gel agarose, pembuatan gel agarose untuk elektroforesis dengan konsentrasi 1%. Agarose sebanyak 1 g dimasukkan ke dalam tabung Erlenmeyer 100 ml, lalu ditambahkan 100 mL bufer Tris-Acetate EDTA (TAE) 1x. Kemudian campuran dipanaskan pada pemanas (*hot plate*) sampai mendidih. Larutan agar didinginkan, lalu larutan gel agarose dituang ke dalam cetakan. Gel didiamkan sampai mengeras. Setelah

mengeras, gel diambil dan diletakkan ke dalam bak elektroforesis yang berisi buffer TAE 1x. Sebanyak 5 μl DNA hasil PCR dimasukkan ke dalam sumur gel elektroforesis dan pada sumuran gel elektroforesis yang berada di posisi sebelah kiri dimasukkan 4 μl marker dengan komposisi 1 μl 1000 bp DNA ladder, 1 μl Loading Dye 6x, 2 μl *Nuklease-free Water*. Elektroforesis dilakukan dengan tegangan 50 volt selama 50 menit. Setelah itu, gel agarose direndam dalam cairan *ethidium bromida* (EtBr) 0.2% selama 15 menit, lalu dicuci dengan cairan *double distillation water* (ddH_2O) selama 5 menit dan selanjutnya gel agarosa divisualisasi dengan gel dokumentasi (Axygen).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil pengamatan dilapangan insidensi penyakit virus terus meningkat pada minggu ke-1 sampai dengan minggu ke-6 pengamatan. Rata-rata insidensi penyakit terendah terjadi pada minggu ke-1 pengamatan saat tanaman berumur 9 MST yaitu sebesar 96.4%. Insidensi penyakit terus meningkat hingga 100% pada minggu ke-6 pengamatan saat tanaman berumur 14 MST (Gambar 1).

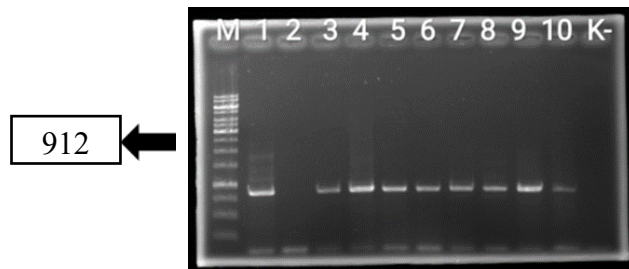
Tingginya insidensi penyakit disebabkan oleh penularan virus dilapangan yang sudah terjadi sejak tanaman masih berada pada fase vegetatif dan pengamatan dilakukan saat tanaman sudah memasuki fase generatif. Menurut Ganefianti *et al.* (2011) tanaman cabai rentan terinfeksi virus saat berumur 3 MST. Nyana *et al.* (2015) melaporkan tanaman muda yang terinfeksi virus akan lebih cepat menimbulkan gejala dibandingkan dengan tanaman tua sehingga tanaman muda yang terinfeksi akan menimbulkan gejala yang lebih berat.



Gambar 1. Perkembangan insidensi penyakit pada 9-14 MST

Kemudian dilakukan deteksi virus dengan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan *general primer Begomovirus* SPG1 (F) (5'-CCCCGTGCGWRAATCCAT-3') dan

SPG2 (R) (5'-ATCCVAAWWTYCAGGGAGCTAA-3') yang mampu mengamplifikasi sikuen DNA *Begomovirus* target sebesar ± 912 pb. Sampel yang digunakan berdasarkan variasi gejala yang ditemukan di lapangan. Hasil deteksi dapat dilihat pada (Gambar 2).



Gambar 2. Hasil amplifikasi gen *transcriptional activator protein* (TrAp) dan *replication-associated protein* (Rep) *Begomovirus* menggunakan sepasang Primer SPG1/2 dengan DNA target ± 912 pb. (M) marker 1 kb, (1) belang tanaman kerdil, (2) daun melengkung ke atas, (3) belang daun melengkung ke atas tanaman kerdil, (4) ukuran daun mengecil, (5) belang pucuk daun mengecil, (6) belang pada pucuk, (7) belang pucuk keriting, (8) belang permukaan daun tidak rata, (9) belang, (10) belang ukuran daun mengecil, dan (K-) kontrol negatif *Nuklease-free Water*.

Deteksi *Begomovirus* dengan primer universal SPG1/SPG2 menunjukkan bahwa sembilan dari 10 sampel terkonfirmasi positif terinfeksi *Begomovirus*. Gejala tanaman kerdil, belang dan daun melengkung ke atas, malformasi daun, belang hijau muda hijau tua, belang dan keriting, belang dan malformasi daun terbukti berasosiasi dengan infeksi *Begomovirus*. Sampel yang terkonfirmasi negatif *Begomovirus* memiliki gejala berupa daun melengkung ke atas. Menurut Duriat *et al.* (2007) gejala daun melengkung pada tanaman cabai tidak hanya disebabkan oleh infeksi *Begomovirus*, namun juga dapat disebabkan oleh infeksi *Chilli pucker stunt virus* (CPSV) yang mana virus ini dapat ditularkan oleh serangga vektor kutu daun.

Deteksi virus secara molekuler dengan menggunakan primer universal untuk *Begomovirus* mengikuti penelitian yang telah dilakukan oleh Li *et al.* (2004) untuk mendeteksi tanaman ubi jalar yang bergejala terinfeksi *Begomovirus* dan hasil penelitian berhasil mengamplifikasi DNA target ± 912 pb. Menurut King *et al.* (2012) deteksi *Begomovirus* secara molekuler relatif lebih mudah dilakukan karena *Begomovirus* yang tergolong famili Geminiviridae memiliki genom berupa DNA sedangkan ChiVMV yang tergolong famili Potyviridae memiliki genom berupa RNA. Deteksi *Begomovirus* dengan primer universal telah berhasil mendeteksi *Begomovirus* pada banyak jenis tanaman.

Penyebaran *Begomovirus* di lapangan dibantu oleh aktivitas serangga vektor yaitu kutu kebul dan juga dapat ditularkan melalui penyambungan (Sulandari, 2006). Kutu kebul menularkan virus secara persisten artinya satu kali kutu kebul mengambil makanan dari tanaman yang mengandung virus maka selama hidupnya dapat menularkan virus (Hasyim *et al.*, 2016). Fadhila *et al.* (2020) melaporkan bahwa *Pepper yellow leafcurl* Indonesia Virus (PYLCIV) tular benih pada benih cabai. Penularan virus pada benih terjadi melalui tanaman yang terinfeksi sehingga saat ditanam di lapangan menjadi sumber inokulum utama.

Berdasarkan hasil pengamatan di lapangan ditemukan tiga gejala terbanyak yaitu belang daun mengecil (BDM), belang pucuk keriting (BPK), dan belang pucuk mengecil (BPM). Ketiga gejala tersebut berhasil di deteksi menggunakan *general primer Begomovirus* SPG1/2 selanjutnya dilakukan sikuensing dan *Blastn*. Menurut King *et al.* (2012) tingkat kemiripan nukleotida (nilai *similarity*) genus *Begomovirus* besar dari 89%. Berdasarkan hasil *Blastn* terhadap runutan sekuen nukleotida dari isolat sampel dengan kode BDM, BPK, dan BPM memiliki kemiripan nukleotida dengan isolat *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV) asal Bali dan Jawa yang terdapat di *database GenBank* yaitu sebesar 91.77%-98.99%.

Sampel isolat BDM memiliki kemiripan nukleotida 93.13% dengan isolat PYLCIV asal Jawa, sedangkan isolat BPK dan BPM memiliki kemiripan nukleotida dengan isolat PYLCIV asal Bangli dan Perean dengan nilai kemiripan nukleotida sebesar 98.73% dan 98.99%. Kemiripan basa nukleotida pada isolat BPK dan BPM disebabkan oleh sampel yang berasal dari lokasi yang sama. Trisno *et al.* (2010) melaporkan isolat PYLCIV asal tomat dan *Ageratum conyzoides* yang berasal dari lokasi yang sama di Jawa Barat memiliki kekerabatan yang erat dengan nilai kemiripan nukleotida sebesar 95% dan 94%, serta nilai kemiripan asam amino sebesar 94% dan 93%.

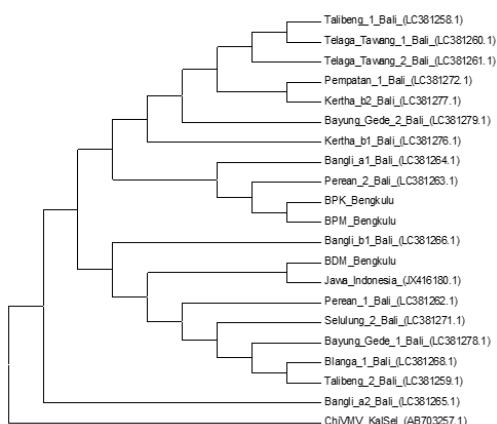
Pembuatan pohon filogenik dilakukan dengan menggunakan program *MEGA 6* dengan metode *Neighbor Joining* (NJ) dengan nilai *bootstrap* 1000x. Pada pohon filogenik digunakan ChiVMV sebagai out group. Hasil rekonstruksi pohon filogenik menunjukkan dari tiga isolat sampel terbagi menjadi 2 grup besar.

Isolat BDM dikelompokkan menjadi satu grup dengan isolat Jawa, kemudian isolat BDM terbagi lagi menjadi subgrup dengan isolat Bangli b1. Sedangkan isolat BPK dan BPM dikelompokkan pada grup yang sama dengan Bangli a1, kemudian terbagi lagi menjadi subgrup dengan isolat Perean 2 karena isolat BPK dan BPM memiliki kekerabatan yang dekat dengan jarak genetik sebesar 0.5% sehingga kedua isolat ini berada pada grup yang sama.

Kemiripan basa nukleotida pada isolat BPK dan BPM disebabkan oleh sampel yang berasal dari

lokasi yang sama. Trisno *et al.* (2010) melaporkan isolat PYLCIV asal tomat dan *Ageratum conyzoides* yang berasal dari lokasi yang sama di Jawa Barat memiliki kekerabatan yang erat dengan nilai kemiripan nukleotida sebesar 95% dan 94%, serta nilai kemiripan asam amino sebesar 94% dan 93%.

Perbedaan basa nukleotida penyusun siklus DNA pada isolat BDM dengan isolat BPK dan BPM menyebabkan perbedaan gejala di lapangan. Manzila *et al.* (2012) melaporkan perbedaan gejala dapat disebabkan oleh keragaman genetik suatu virus yang dapat terjadi melalui mutasi gen pada virus tersebut. Mutasi gen dapat mengakibatkan terjadinya perubahan fungsi gen, sehingga dapat menyebabkan perubahan gejala penyakit yang muncul atau virulensi virus.



Gambar 3. Pohon filogenik BDM, BPK, BPM, dan isolat dari database Genbank dengan ChiVMV sebagai outgroup

KESIMPULAN

Insidensi penyakit virus pada tanaman cabai di Desa Pematang Donok berkisar antara 96.4%-100%. Gejala daun kuning keriting, malformasi daun dan kerdil berasosiasi dengan infeksi *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV).

DAFTAR PUSTAKA

- Anggraini, S., & Hidayat, S. H. (2014). Sensitivitas metode serologi dan *polymerase chain reaction* untuk mendeteksi *Bean common mosaic potyvirus* pada kacang panjang. *J Fitopatologi Indonesia*, 10(1), 17-22. DOI: <https://doi.org/10.14692/jfi.10.1.17>.
- Duriat, A. S., Gunaeni, N., & Wulandari, A. W. (2007). Penyakit penting tanaman cabai dan pengendaliannya. Balai Penelitian Tanaman Sayuran, Bandung.
- Fadhila, C., Lal, A., Vo, T. T. B., Ho, P. T., Hidayat, S. H., Lee, J., Kil, E. J. & Lee, S. (2020). The threat of seed-transmissible *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* in chili pepper. *Microbial Pathogenesis*, 143. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104132>.
- Ganefianti, D. W., Sujiprihati, S., Hidayat, S. H. & Syukur, M. (2011). Pengujian ketahanan cabai terhadap *Begomovirus* penyebab penyakit daun keriting kuning. Prosiding Seminar Perhimpunan Pemuliaan Indonesia. Fakultas Pertanian Universitas Bengkulu 9-10 Desember 2011, Padang. Hal:240-248.
- Gaswanto, R., Syukur, M., Hidayat, S. H. & Gunaeni, N. (2016). Identifikasi gejala dan kisaran inang enam isolat *Begomovirus* cabai di Indonesia. *J Hort*, 26(2), 223-234. DOI: <http://dx.doi.org/10.21082/jhort.v26n2.2016.p223-234>.
- Hasyim, A., Setiawati, W. & Liferdi, L. (2016). Kutu kebul *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae) penyebar penyakit virus mosaik kuning pada tanaman terung. *IPTEK Hortikultura*, 12, 50-54. <http://repository.pertanian.go.id/handle/123456789/6731>.
- King, A. M. Q., Adams, M. J., Carstens, E. B. & Lefkowitz, E. J. (2012). Virus Taxonomy Classification and Nomenclature of Viruses. Academic Press, New York.
- Li, R., Salih, S. & Hurtt, S. (2004). Detection of *Geminiviruses* in sweet potato by polymerase chain reaction. *Plant Dis*, 88, 1347-1351.
- Manzila, I., Hidayat, S. H., Mariska, I. & Sujiprihati, S. (2012). Analisis gen selubung protein *Chilli Veinal Mottle Potyvirus* dari beberapa daerah di Indonesia. *J AgroBiogen*, 8(1), 27-37.
- Nyana, I. D. N., Temaja, I. G. R. M. & Siadi, I. K. (2015). Pengendalian penyakit virus pada tanaman cabai dengan teknik ramah lingkungan. Laporan Tahunan Hibah Bersaing, Universitas Udayana, Bali. <https://repositori.unud.ac.id/protected/storage/upload/repositori/c422bfba69320b69dd4a519f689c3680.pdf>.
- Rusli, E. S., Hidayat, S. H., Suseno, R. & Tjahjono, B. (1999). Virus Gemini pada cabai: variasi gejala dan studi cara penularan. *Buletin Hama dan Penyakit Tumbuhan*, 11(1), 26-31.
- Saxena, S. & Tiwari, A.K. (2017). *Begomoviruses: Occurrence and Management in Asia and Africa*. Singapore: Springer Nature. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/978-981-10-5984-1>.
- Selangga, D. G. W. (2019). Variasi genetika *Pepper yellow leaf curl virus* yang menginfeksi tanaman cabai di Provinsi Bali dan pengaruh silika terhadap keparahan penyakit. *Tesis*. Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

- Septariani, D. N., Hidayat, S. H. & Nurhayati, E. (2014). Identifikasi penyebab penyakit daun keriting kuning pada tanaman mentimun. *J HPT Tropika*, 14(1), 80-86. DOI: <https://doi.org/10.23960/j.hptt.11480-86>.
- Sulandari, S. (2006). Penyakit daun keriting kuning cabai di Indonesia. *J Perlindungan Tanaman Indonesia*, 12(1), 1-12.
- Suprayogi., Farid, N., Dewi, P. S., Susanti, D., & Hadi, S. N. (2013). Modul pelatihan teknik-teknik dasar bioteknologi. Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Jenderal Soedirman.
- Sutrawati, M., Hidayat, S. H., Suastika, D., Sukarno, B. P. W. & Nurmansyah, A. (2020). Penyakit mosaik kuning pada ke-delai. *J Fitopatologi Indonesia*, 16(1), 30-36. DOI: <https://doi.org/10.14692/jfi.16.1.30-36>.
- Trisno, J., Hidayat, S. H., Jamsari, Habazar, T. & Manti, I. (2010). Identifikasi molekuler *Begomovirus* penyebab penyakit kuning keriting pada tanaman cabai (*Capsicum annum* L.) di Sumatera Barat. *J Natur Indonesia*, 13(1), 41-46.
- Wilisiani, F., Sumowiyarjo, S. & Hartono, S. (2014). Identifikasi molekuler virus penyebab penyakit daun keriting isolat bantul pada melon. *J Perlindungan Tanaman Indonesia*, 18(1), 47-54. DOI: <https://doi.org/10.22146/jpti.15602>.
- Windarningsih, M., Susanto, Y. B., Sumardiyono. & Sulandari, S. (2018). Penyebaran penyakit virus daun menguning dan keriting pada cabai rawit di Kabupaten Lombok Utara. *Crop Agro*, 11(2), 145-150. <https://cropagro.unram.ac.id/index.php/caj/article/view/201>.