UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Kompleksitas Begomovirus pada Solanaceae dataran tinggi dan dataran rendah, wilayah Jawa tengah dan
Daerah Istimewa Yogyakarta**
ALYAH SHUFA, Prof. Dr. Ir. Sedyo Hartono, M.P.; Dr. Ir. Arman Wijonarko, M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Famili *Solanaceae* merupakan salah satu kelompok tumbuhan dengan nilai ekonomi tinggi yang mencakup berbagai komoditas penting, seperti cabai (*Capsicum spp.*), tomat (*Solanum lycopersicum L.*), terong (*Solanum melongena L.*), dan tembakau (*Nicotiana tabacum L.*). Berbagai tanaman budidaya dari famili ini rentan terhadap infeksi *Begomovirus* yang menyebabkan penyakit mosaik kuning dan menimbulkan kerugian ekonomi yang signifikan. Keberadaan patogen dan vektor penyakit yang masih tersebar luas di Indonesia khususnya Jawa Tengah dan Daerah Istimewa Yogyakarta (DI YOGYAKARTA) menuntut pemahaman yang lebih mendalam mengenai hubungan antara tanaman inang, virus, vektor, dan lingkungan. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi keragaman *Begomovirus* yang menginfeksi tanaman *Solanaceae* serta biotipe vektor *Bemisia tabaci* pada berbagai ketinggian wilayah budidaya melalui pendekatan molekuler. Sampel tanaman cabai, tomat, terong, dan tembakau yang menunjukkan gejala penyakit dikoleksi dari beberapa lokasi dengan perbedaan ketinggian (dataran rendah dan dataran tinggi) dan dianalisis menggunakan metode identifikasi molekuler. Hasil penelitian menunjukkan bahwa seluruh tanaman target terkonfirmasi terinfeksi *Begomovirus* dengan pola infeksi yang bervariasi, meliputi infeksi tunggal maupun infeksi campuran. Analisis molekuler berhasil mengidentifikasi empat spesies *Begomovirus*, yaitu Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV), Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi virus (TYLCKaV), Pepper yellow leaf curl virus (PepYLCV), dan Tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV). Kompleksitas infeksi tertinggi ditemukan pada tanaman tomat di dataran rendah dengan kejadian infeksi empat virus secara bersamaan, sedangkan pola infeksi paling sederhana ditemukan pada tanaman terong di dataran tinggi. Analisis vektor mengidentifikasi dua biotipe Bemisia tabaci, yaitu AN (Asian Native 1) dan Q MED (Mediterranean). Biotipe AN ditemukan secara konsisten pada seluruh rentang ketinggian, sementara biotipe Q MED hanya terdeteksi pada lokasi dataran tinggi sekitar 400 mdpl. Temuan ini memberikan informasi penting mengenai diversitas *Begomovirus*, tanaman inang, dan distribusi biotipe vektor yang berpotensi mendukung pengembangan strategi pengendalian penyakit mosaik kuning pada tanaman Solanaceae secara lebih efektif.

Kata kunci: *Begomovirus*; *Bemisia tabaci*; *Solanaceae*; identifikasi molekuler; dataran rendah dan dataran tinggi; Indonesia.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Kompleksitas Begomovirus pada Solanaceae dataran tinggi dan dataran rendah, wilayah Jawa tengah dan
Daerah Istimewa Yogyakarta**
ALYAH SHUFA, Prof. Dr. Ir. Sedyo Hartono, M.P.; Dr. Ir. Arman Wijonarko, M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

The family *Solanaceae* comprises several economically important crops, including chili pepper (*Capsicum spp.*), tomato (*Solanum lycopersicum L.*), eggplant (*Solanum melongena L.*), and tobacco (*Nicotiana tabacum L.*). These cultivated species are highly susceptible to *Begomovirus* infections, which cause yellow mosaic disease and result in substantial economic losses. The widespread occurrence of both viral pathogens and their insect vectors in Indonesia, particularly in Central Java and the Special Region of Yogyakarta, highlights the need for a comprehensive understanding of the interactions among host plants, viruses, vectors, and environmental factors. This study aimed to investigate the diversity of *Begomovirus* species infecting *Solanaceae* crops and to identify the biotypes of the whitefly vector, *Bemisia tabaci*, across different altitudinal gradients (lowland and highland) using molecular approaches. Symptomatic samples of chili pepper, tomato, eggplant, and tobacco were collected from multiple cultivation areas representing different elevations and subjected to molecular analyses. The results confirmed *Begomovirus* infection in all target host plants, exhibiting diverse infection patterns ranging from single infections to complex mixed infections. Molecular characterization identified four *Begomovirus* species: *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV), *Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi viru*s (TYLCKaV), *Pepper yellow leaf curl virus* (PepYLCV), and *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV). The highest infection complexity was observed in lowland tomato crops, where simultaneous infection by four virus species was detected, whereas the simplest infection pattern occurred in highland eggplant. Vector analysis revealed the presence of two *B. tabaci* biotypes, namely *Asian Native 1* (AN) and *Mediterranean* (Q MED). The AN biotype was consistently detected across all elevation ranges, while the Q MED biotype was exclusively found at highland locations around 400 m above sea level. These findings provide valuable insights into the diversity of *Begomovirus* species, host plant associations, and vector biotype distribution, which may contribute to the development of more effective management strategies for yellow mosaic disease in Solanaceous crops.

Keywords: *Begomovirus; Bemisia tabaci; Solanaceae*; molecular identification; Lowland and Highland; Indonesia.