

Status Terkini Penyakit Tristeza Pada Tanaman Jeruk di Sulawesi Tenggara

Current Status of Citrus Tristeza Disease in Southeast Sulawesi

Muhammad Taufik^{1*}, Sari Nurulita², Dewi Nurhayati Yusuf¹, Miftahkuhrohmah³,
Muhammad Botek¹, Gusnawaty HS¹, Elisa Syarni¹

¹Jurusan Proteksi Tanaman, Universitas Halu Oleo.

Jalan HEA Mokodompit Gedung D Faperta UHO, Kendari 93232

²Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor.

Jalan Kamper, Kampus IPB Dramaga, Bogor, 16680

³Badan Riset dan Inovasi Nasional. Jalan Raya Bogor KM. 46, Bogor 16915

(diterima Maret 2025, disetujui Oktober 2025)

ABSTRAK

Penyakit tristeza yang disebabkan oleh citrus tristeza virus (CTV, genus *Closterovirus*, famili *Closteroviridae*) merupakan salah satu penyakit penting pada tanaman jeruk di dunia, termasuk di Indonesia. Hingga kini, informasi dan studi terkait CTV di Indonesia masih terbatas. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui status terkini infeksi CTV di Provinsi Sulawesi Tenggara. Survei dan pengambilan sampel dilakukan secara *purposive sampling* di empat kabupaten. Deteksi dan identifikasi virus dilakukan dengan teknik *double antibody sandwich enzyme-linked immunosorbent assay* (DAS-ELISA), *reverse transcription polymerase chain reaction* (RT-PCR), dan analisis peruntukan nukleotida. Hasil DAS-ELISA menunjukkan bahwa semua sampel dengan berbagai variasi gejala dari empat kabupaten terkonfirmasi positif terinfeksi CTV dengan nilai titer virus yang beragam. RT-PCR dengan primer spesifik berhasil mengonfirmasi keberadaan CTV dari semua sampel dengan teramplifikasinya DNA berukuran 630 pb. Analisis sekuen dan filogeni menunjukkan bahwa isolat CTV asal Sulawesi Tenggara memiliki kemiripan tertinggi (97.9%) dengan isolat CTV asal India (MT498411.1) dan mengelompok satu grup dengan isolat asal India (MT498411.1), Jepang (U56902.1), dan Cina (MZ692538.1). Hasil penelitian ini mengonfirmasi penyebaran CTV pada empat kabupaten di Sulawesi Tenggara. Data molekuler diharapkan menjadi basis data untuk studi epidemiologi molekuler dan strategi pengendalian penyakit tristeza di Indonesia.

Kata Kunci: citrus tristeza virus, *closterovirus*, DAS-ELISA, epidemiologi molekuler, RT-PCR

ABSTRACT

Tristeza disease, caused by citrus tristeza virus (CTV), a member of genus *Closterovirus*, family *Closteroviridae*, is one of the economically important diseases on citrus worldwide, including Indonesia. To date, information and research on CTV in Indonesia remain limited. This study aims to assess the current status of CTV infection in Indonesia, especially in Southeast Sulawesi Province. Surveys and sample collections were conducted using a *purposive sampling* method in four regencies of Southeast Sulawesi Province. Virus detection and identification was carried out using *double antibody sandwich enzyme-linked immunosorbent assay* (DAS-ELISA), *reverse transcription polymerase chain reaction*

*Alamat penulis korespondensi: Jurusan Proteksi Tanaman Faperta Universitas Halu Oleo. Jalan HEA Mokodompit Gedung D Faperta UHO, Kendari 93232. Tel: 0401-3191692, Surel: muhammad.taufik_faperta@uho.ac.id

(RT-PCR), and nucleotide sequence analysis. The result of the ELISA showed that all tested samples with various symptoms from four regencies are positively infected with CTV at different virus titers. Furthermore, RT-PCR also successfully detected CTV across the tested samples with DNA amplicon of 630 bp in size. Nucleotide sequencing and phylogenetic tree analysis revealed that Southeast Sulawesi CTV isolates shared the highest similarity (97.9%) with isolates of CTV from India (MT498411.1) and are clustered in one group with isolates from India (MT498411.1), Japan (U56902.1), dan China (MZ692538.1). The results of this study confirmed the presence and spread of CTV in Southeast Sulawesi. The molecular data are expected to be used as the basis data for further molecular epidemiological studies and disease control of tristeza in Indonesia.

Keywords: citrus tristeza virus, *closterovirus*, DAS-ELISA, molecular epidemiology, RT-PCR

PENDAHULUAN

Jeruk merupakan salah satu komoditas hortikultura bernilai ekonomi tinggi karena kandungan gizi dan vitamin C yang cukup tinggi (Budiarto *et al.* 2024). Data produksi jeruk nasional menunjukkan tren peningkatan dari tahun 2021 hingga 2023, yaitu 2.6 juta ton pada tahun 2021-2022 dan 2.8 juta ton pada tahun 2023 (Badan Pusat Statistik 2023). Sebaliknya, produksi jeruk di Provinsi Sulawesi Tenggara justru mengalami penurunan pada periode yang sama, yakni dari 50 ribu ton pada tahun 2021, menjadi 20 ribu ton pada tahun 2022, dan 10.5 ribu ton pada tahun 2023 (Badan Pusat Statistik 2023).

Penurunan produksi jeruk di Indonesia secara umum disebabkan oleh berbagai faktor, antara lain umur tanaman yang menua, teknik budi daya yang belum optimal, serangan hama dan infeksi patogen (Dwiastuti dan Widyaningsih 2016). Penyakit penting tanaman jeruk di Indonesia adalah *citrus vein phloem degeneration* atau huanglongbing yang disebabkan bakteri *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas) (Rizal *et al.* 2016; Ratu *et al.* 2020) serta penyakit tristeza yang disebabkan oleh citrus tristeza virus (CTV) (Taufik *et al.* 2010).

Beberapa penelitian sebelumnya melaporkan bahwa 88.78% tanaman jeruk di Indonesia terinfeksi CTV berdasarkan hasil deteksi *enzyme-linked immunosorbent assay* (ELISA) (Dwiastuti dan Widyaningsih 2016). Penyakit tristeza telah tersebar di beberapa wilayah sentra produksi jeruk seperti Jawa Timur, Bali, Riau, Kalimantan Barat,

Kalimantan Tengah, dan Kalimantan Selatan (Dwiastuti dan Widyaningsih 2016). Di Wilayah Cibeureum (Kabupaten Bogor, Jawa Barat), tingkat infeksi CTV dilaporkan mencapai 50–100%, sedangkan di Cisarupan dan Karangpawitan (Kabupaten Garut, Jawa Barat) tingkat infeksi lebih beragam antara 25–100% (Taufik 2000). Informasi terbaru mengenai deteksi CTV dilaporkan di Bali pada tahun 2023 menggunakan metode RT-PCR (Nurulita *et al.* 2023).

Infeksi CTV pada tanaman jeruk sebelumnya hanya dilaporkan di Pulau Siompu, Kabupaten Buton, Sulawesi Tenggara (Taufik dan Bande 2002) dan hingga kini belum ada laporan infeksi CTV di wilayah daratan provinsi tersebut. Oleh karena itu, informasi terkini sangat dibutuhkan untuk mendukung upaya pengendalian dan pencegahan penyakit tristeza. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui status terkini infeksi CTV pada tanaman jeruk di daratan Sulawesi Tenggara. Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat menjadi basis data molekuler CTV untuk studi epidemiologi dan menyusun strategi pengendalian penyakit tristeza di sentra produksi jeruk Sulawesi Tenggara.

BAHAN DAN METODE

Survei dan Pengambilan Sampel

Survei dan pengambilan sampel dilakukan dari beberapa pertanaman jeruk di 6 kecamatan dari 4 kabupaten di Provinsi Sulawesi Tenggara, yaitu Kabupaten Konawe Selatan, meliputi Kecamatan Konda (4°8'18.2024" LS dan 122°31'8.7639" BT), Kecamatan Mowila

(4°5'25.3130" LS dan 122°12'42.5889" BT), Kecamatan Nanga-Nanga (4°4'1.3099" LS dan 122°29'12.4240" BT); Kabupaten Konawe: Kecamatan Abuki (3°41'17.1942" LS dan 121°53'37.4029" BT); Kabupaten Kolaka Timur: Kecamatan Ladongi (4°7'24" LS dan 121°53'37" BT); dan Kabupaten Bombana: Kecamatan Lantari Jaya (4°37'2.7177" LS dan 121°59'23.7224" BT).

Pengambilan sampel dilakukan dengan metode *purposive sampling*, yaitu mengambil daun dengan gejala CTV. Sampel daun yang bergejala kemudian dimasukkan ke dalam pelepah pisang untuk menjaga kesegarannya dan dikirim ke Laboratorium Virologi Tumbuhan, Departemen Proteksi Tanaman, IPB untuk tahap deteksi virus.

Uji Serologi Menggunakan *Enzyme-Linked Immunosorbent Assay* (ELISA)

Uji serologi untuk skrining awal sampel menggunakan metode *double antibody sandwich-ELISA* (DAS-ELISA) sesuai prosedur dari DSMZ GmbH, Braunschweig, Jerman (katalog no. AS-0988). Nilai absorbansi ELISA (NAE) dibaca menggunakan ELISA reader pada $\lambda = 405$ nm (Multiskan FC Microplate Photometer, ThermoFisher Scientific, US).

Deteksi Menggunakan *Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction* (RT-PCR)

RNA total diisolasi dari bagian tulang daun yang menunjukkan gejala CTV menggunakan *GeneJET Plant RNA Purification kit* sesuai prosedur dari Thermo Fisher Scientific Inc. (Waltham, Amerika Serikat). Amplifikasi dilakukan menggunakan *one-step RT-PCR* dengan sepasang primer spesifik CTV untuk gen p23, yaitu RBP-23F (5'-GATGAAGTGGTGTTCACGG-3') dan RBP-23R (5'-GATGAAGTGGTGTTCACGG-3') (Ghosh *et al.*, 2022). Reaksi RT-PCR terdiri atas DreamTaq Green *master mix* 2× sebanyak (12.5 μ l) (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA), masing-masing primer 10 μ M (2 μ l), 40 U μ L⁻¹ *Ribonuclease inhibitor* (0.5 μ l), 200 U μ L⁻¹ *reverse transcriptase enzyme* (0.25 μ l) (NZYtech, Lisboa, Portugal),

2 μ l total RNA, dan *nuclease free water* hingga mencapai volume total akhir 25 μ l. *One-step RT-PCR* diawali dengan proses pembuatan cDNA pada 45 °C selama 60 menit diikuti dengan denaturasi awal pada suhu 94 °C selama 1 menit dan dilanjutkan dengan 35 siklus PCR, terdiri atas denaturasi pada 94 °C selama 30 detik, penempelan primer (*annealing*) pada 52 °C selama 45 detik, elongasi pada 72 °C selama 1 menit, dan diakhiri satu siklus pasca elongasi pada 72 °C selama 10 menit. Amplikon divisualisasikan pada gel agarosa 1%. Produk PCR dikirim ke 1st BASE Malaysia melalui PT Genetika Science Indonesia untuk peruntukan nukleotida.

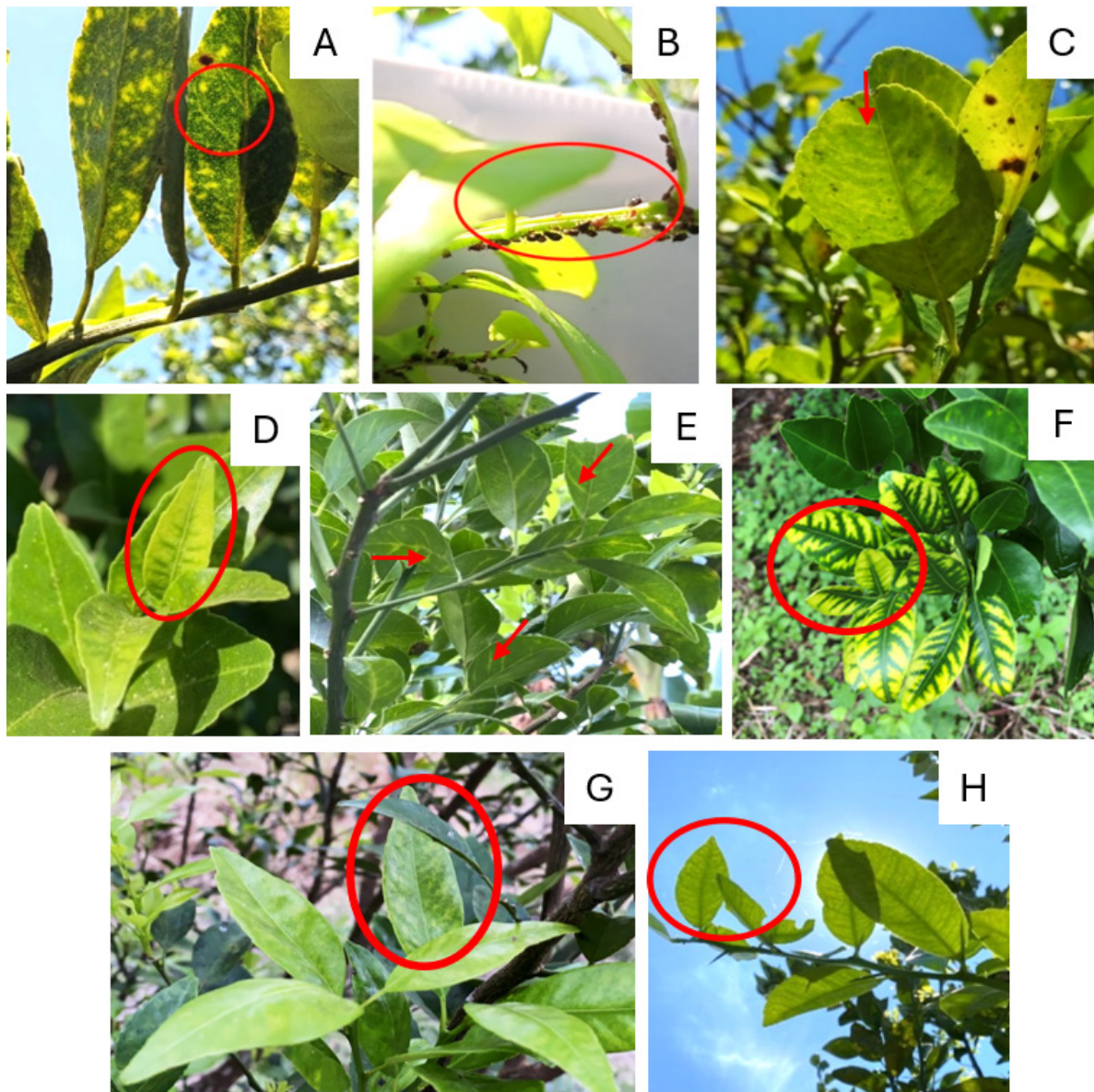
Analisis Urutan Nukleotida Dan Keragaman CTV

Hasil runutan nukleotida dirapikan (*trimming*) dan digabung antara sekuen *forward* dan *reverse* untuk menghasilkan *contig* menggunakan perangkat lunak BioEdit versi 7.2 (Hall 1999). Hasil *contig* kemudian dicek kemiripannya dengan basis data yang ada di GenBank menggunakan program BLAST. *Contig* yang telah diperoleh dimasukkan ke dalam BLAST pada *GenBank* untuk dicari beberapa isolat CTV dari negara lain yang memiliki kemiripan tertinggi. Matriks identitas urutan nukleotida dihitung menggunakan perangkat lunak SDT v1.2 (Muhire *et al.* 2014). Analisis pohon filogenetik dibuat menggunakan program MEGA 11 (Tamura *et al.* 2021). Urutan sekuen masing-masing gen disimpan ke dalam GenBank.

HASIL

Variasi Gejala dan Insidensi CTV di Lapangan

Variasi gejala infeksi CTV ditemukan di seluruh lokasi survei pertanaman jeruk (Gambar 1). Gejala khas infeksi CTV pada daun jeruk siam antara lain berupa *vein clearing* dan titik-titik klorosis pada bagian inter-vena daun (Gambar 1A). Selain itu, ditemukan pula gejala menyerupai penyakit huanglongbing (HLB) yaitu klorosis intervena (Gambar 1F–G).



Gambar 1 Variasi gejala citrus tristeza virus pada tanaman jeruk siam di lapangan. A, Kecamatan Abuki, Kabupaten Konawe; B, Kutudaun di Kecamatan Abuki, Kabupaten Konawe; C, Kecamatan Lantari Jaya 1, Kabupaten Bombana; D, Kecamatan Lantari Jaya 2, Kabupaten Bombana; E, Kecamatan Tanea, Kabupaten Konawe Selatan; F, Kecamatan Mowila, Kabupaten Konawe Selatan; G, Kecamatan Nanga-Nanga, Kabupaten Konawe Selatan; dan H, Kecamatan Ladongi, Kabupaten Kolaka Timur. Bagian gejala yang khas ditandai dengan anak panah dan lingkaran berwarna merah.

(Figure 1 Variation of citrus tristeza virus symptoms on siamese orange plants in the field. A, Abuki District, Konawe Regency; B, aphids in Abuki District, Konawe Regency; C, Lantari Jaya 1 District, Bombana Regency; D, Lantari Jaya 2 District, Bombana Regency; E, Tanea District, South Konawe Regency; F, Mowila District, South Konawe Regency; G, Nanga-Nanga District, South Konawe Regency; and H, Ladongi District, East Kolaka Regency. Red arrows and circles indicated typical symptoms.)

Deteksi CTV Berdasarkan Uji Serologi (DAS-ELISA) dan Asam Nukleat (RT-PCR)

Hasil deteksi menggunakan teknik DAS-ELISA menunjukkan bahwa hampir seluruh sampel tanaman jeruk bergejala dari lapangan terkonfirmasi positif terinfeksi CTV kecuali sampel KSB asal Kecamatan Lantari Jaya 2, Kabupaten Bombana (Tabel 1). Titer virus tertinggi berdasarkan nilai absorbansi ELISA (NAE) diperoleh dari sampel asal Konawe Selatan (NAE MKS: 1.111 dan NAE TKS: 1.103) dengan gejala khas berupa *vein clearing* (Gambar 1E) dan klorosis pada bagian intervena daun (Gambar 1F). Gejala serupa pada sampel LKT (Gambar 2H) dan KSBN (Gambar 2C) juga menunjukkan nilai NAE tinggi, yaitu 1.023 dan 1.098, secara berurutan. Sampel AKW dengan gejala *vein clearing* (Gambar 2A) juga memiliki titer relatif tinggi dengan NAE: 0.98.

Deteksi lanjutan menggunakan RT-PCR memperkuat hasil ELISA, yaitu semua sampel yang sebelumnya bereaksi positif dengan DAS-ELISA kembali terdeteksi positif CTV, kecuali sampel KSB. Amplifikasi menggunakan primer spesifik gen p23 CTV, menghasilkan pita DNA berukuran 630 pb (Gambar 2). Dua sampel positif terpilih yaitu LKT dan AKW, selanjutnya digunakan pada analisis sekuensing untuk konfirmasi identitas molekuler CTV.

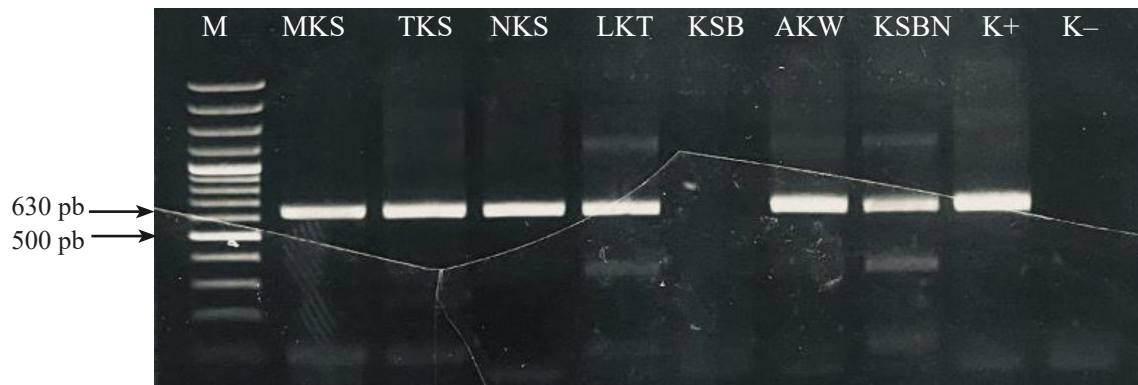
Sebaran geografis CTV di empat kabupaten (enam kecamatan) berdasarkan hasil PCR ditunjukkan pada Gambar 3. Pemetaan ini memperlihatkan bahwa infeksi CTV telah meluas secara merata, terutama pada kabupaten yang secara geografis saling berdekatan.

Tabel 1 Deteksi citrus tristeza virus dari sampel daun jeruk asal Sulawesi Tenggara menggunakan ELISA dan RT-PCR

(Table 1 Detection of citrus tristeza virus from citrus leaf samples from Southeast Sulawesi using ELISA and RT-PCR)

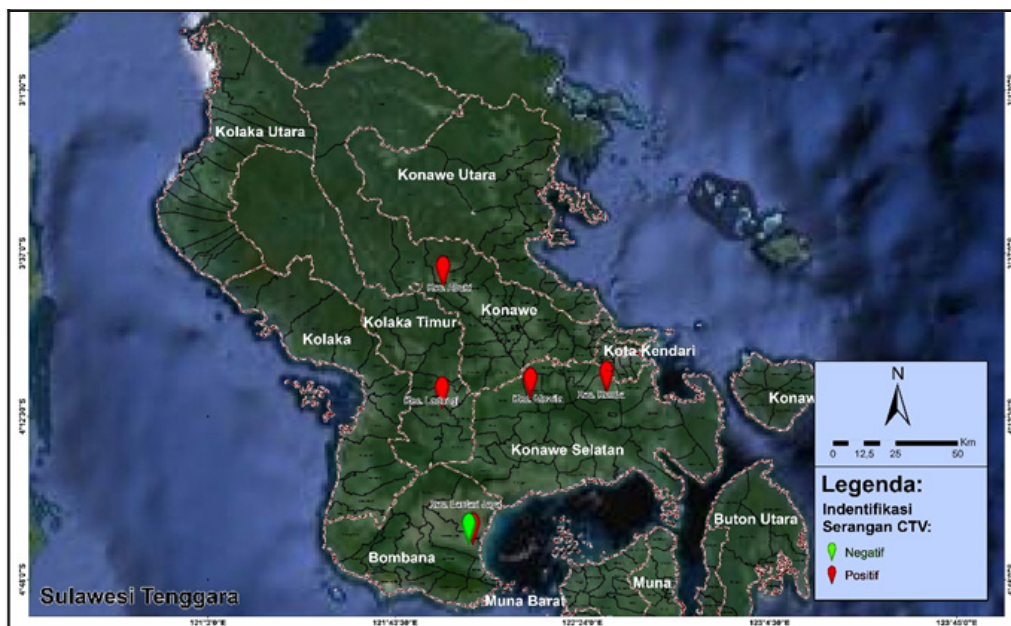
Sampel (Sample)	ELISA (ELISA)		RT-PCR (RT-PCR)
	NAE ^a (NAE ^a)	Kesimpulan ^b (Conclusion ^b)	
Kontrol positif, koleksi Lab Virologi Tumbuhan IPB (Positive control, collection of the IPB Plant Virology Laboratory)	0.808	+	+
Kontrol positif, kit ELISA-DSMZ (Positive control, ELISA kit-DSMZ)	0.298	-	+
Kontrol negatif, tanaman sehat (Negative control, healthy plants)	0.248	-	-
Buffer	0.244	-	n/a ^c
Abuki, Konawe (AKW)	0.957	+	+
Mowila, Konawe Selatan (MKS)	1.111	+	+
Tanea, Konawe Selatan (TKS)	1.103	+	+
Nanga-nanga, Konawe Selatan (NKS)	0.733	+	+
Lantari Jaya 1, Bombana (KSBN)	1.098	+	+
Lantari Jaya 2, Bombana (KSB)	0.312	-	-
Ladongi, Kolaka Timur (LKT)	1.023	+	+

^aNAE, nilai absorbansi ELISA; ^breaksi ELISA dinyatakan positif apabila nilai NAE sampel = 2 × Kontrol negatif; ^ctidak dilakukan deteksi. (^aNAE, ELISA absorbance value; ^bELISA reaction is considered positive if the NAE value of sample = 2 × negative control; ^cno detection is performed)



Gambar 2 Visualisasi pita DNA berukuran 630 pb dari sampel tanaman jeruk siam hasil amplifikasi dengan teknik RT-PCR. M, Penanda DNA 100 pb (ThermoFisher Scientific); MKS, Mowila, Konawe Selatan; TKS, Tanea, Konawe Selatan; NKS, Nanga-nanga, Konawe Selatan; LKT, Ladongi, Kolaka Timur; KSB, Lantari Jaya 2, Bombana; AKW, Abuki, Konawe; KSBN, Lantari Jaya 1, Bombana; K+ Mowila, Konawe Selatan (MKS); K+, Kontrol positif; K-, Kontrol negatif.

(Figure 2 Visualization of 630 bp DNA bands from samples of siamese orange plants amplified using the RT-PCR technique. M, 100 bp DNA Marker (ThermoFisher Scientific); MKS, Mowila, Konawe Selatan; TKS, Tanea, Konawe Selatan; NKS, Nanga-nanga, Konawe Selatan; LKT, Ladongi, Kolaka Timur; KSB, Lantari Jaya 2, Bombana; AKW, Abuki, Konawe; KSBN, Lantari Jaya 1, Bombana; K+ Mowila, Konawe Selatan (MKS); K+, positive control; K-, negative control.)



Gambar 3 Peta sebaran infeksi citrus tristeza virus pada beberapa lokasi pertanian jeruk di Provinsi Sulawesi Tenggara.

(Figure 3 Distribution map of citrus tristeza virus infection in several citrus orchards in Southeast Sulawesi Province.)

Identifikasi CTV Berdasarkan Kesamaan Urutan Basa Nukleotida dan Pohon Filogeni

Hasil penjabaran sekuen dua isolat CTV asal Sulawesi Tenggara (LKT dan AKW) dengan beberapa isolat dari GenBank menunjukkan

tingkat kemiripan urutan nukleotida tertinggi sebesar 97.9% dengan isolat CTV asal India (MT498411.1), serta 97% dengan isolat asal Cina (MZ692538.1). Analisis filogenetik, menunjukkan bahwa kedua isolat LKT dan

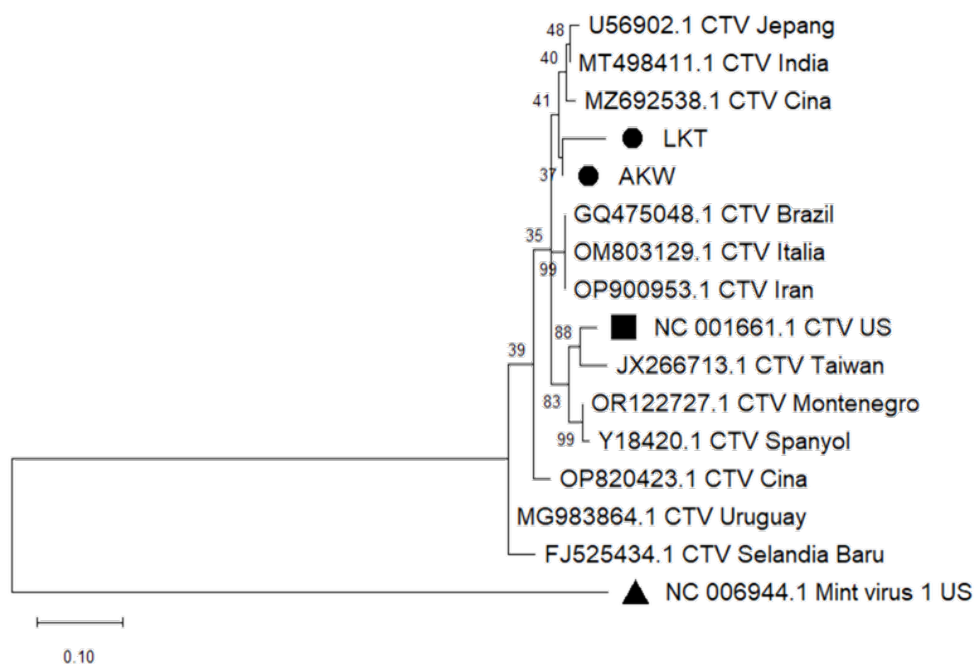
AKW mengelompok dalam satu kluster dengan isolat CTV asal India (MT498411.1), Jepang (U56902.1), dan Cina (MZ692538.1) (Gambar 4). Hal ini mengindikasikan adanya kedekatan kekerabatan genetik antara isolat asal Sulawesi Tenggara dengan isolat-isolat CTV dari wilayah Asia Timur dan Asia Selatan.

PEMBAHASAN

Hasil survei dan deteksi molekuler pada penelitian ini mengindikasikan bahwa CTV telah tersebar di berbagai sentra pertanaman jeruk di Provinsi Sulawesi Tenggara. Keberadaan serangga vektor kutudaun yang ditemukan di lapangan mendukung kemungkinan peran penting vektor ini dalam penyebaran CTV. Penelitian sebelumnya

menunjukkan bahwa efisiensi penularan menggunakan serangga vektor pada tujuh kultivar jeruk berkorelasi positif dengan bertambahnya populasi kutudaun (Taufik 2000). Selain melalui serangga vektor, penyebaran CTV secara horizontal antar daerah juga dimungkinkan terjadi melalui praktik perbanyakan vegetatif dengan *grafting*, terutama jika bahan tanaman yang digunakan berasal dari tanaman yang sudah terinfeksi (Dwiastuti dan Widyaningsih 2016).

Sampel tanaman jeruk yang menunjukkan gejala khas maupun gejala mirip penyakit HLB, seperti klorosis intervena dan *vein clearing*, terbukti terinfeksi CTV berdasarkan hasil DAS-ELISA dan RT-PCR. Hal ini mengindikasikan kemungkinan adanya infeksi ganda antara CTV dan CLas. Infeksi ganda



Gambar 4 Pohon filogeni isolat citrus tristeza virus (CTV) asal Sulawesi Tenggara dan isolat CTV asal negara lain menggunakan metode *maximum-likelihood* dengan *bootstrap* sebanyak $1000\times$ ulangan. *Mint virus 1* digunakan sebagai *outgroup*. Isolat CTV asal Sulawesi Tenggara ditandai dengan simbol (●), sekuen referensi CTV ditandai dengan simbol (■), dan *outgroup* ditandai dengan simbol (▲).

(Figure 4 Phylogenetic tree of citrus tristeza virus (CTV) isolates from Southeast Sulawesi and CTV isolates from other countries using the maximum-likelihood method with 1000 bootstrap replicates. Mint virus 1 was used as the outgroup. CTV isolates from Southeast Sulawesi are marked with the symbol (●), CTV reference sequences are marked with the symbol (■), and outgroups are marked with the symbol (▲).)

seperti ini telah dilaporkan sebelumnya di beberapa wilayah pertanian jeruk di Indonesia, termasuk di Bali, Jawa, dan Sulawesi (Rizal *et al.* 2015; Tuwo *et al.* 2024).

Dua teknik deteksi (DAS ELISA dan RT-PCR) yang digunakan pada penelitian ini menunjukkan hasil yang selaras dalam aspek sensitivitas, akurasi dan efisiensi. Teknik DAS-ELISA merupakan metode serologi yang efisien dan banyak digunakan untuk skrining awal karena kemampuannya dalam mendeteksi antigen virus pada sampel dalam jumlah besar secara cepat dan relatif murah (Sakamoto *et al.* 2018). Teknik ini juga telah dimanfaatkan sebelumnya untuk penapisan infeksi CTV pada tanaman jeruk *seedless* hasil mutasi sinar gamma terhadap tiga strain penyakit CTV (Dwiastuti dan Widyaningsih 2016). Namun demikian, ELISA masih mempunyai beberapa kelemahan, seperti kemungkinan terjadi reaksi silang antar strain serta ketidakmampuannya dalam membedakan strain patogen yang berbeda (Rubio *et al.* 2020). Oleh sebab itu, teknik RT-PCR digunakan sebagai metode konfirmasi pada studi ini. RT-PCR memiliki sensitivitas 10^2 – 10^4 kali lebih tinggi dibandingkan dengan DAS-ELISA dalam mendeteksi materi genetik virus (Dovas *et al.* 2013), sehingga lebih akurat untuk memastikan keberadaan virus dalam jaringan tanaman, terutama pada infeksi dengan titer rendah.

Deteksi menggunakan RT-PCR dalam penelitian ini memanfaatkan sepasang primer spesifik yang mengamplifikasi gen p23 dari CTV (Kokane *et al.* 2020). Primer ini telah terbukti efektif dalam berbagai studi sebelumnya (Ghosh *et al.* 2022; Puspitaningtyas 2024). Gen p23 diketahui memiliki peran penting sebagai *silencing suppressor* yang menghambat mekanisme pertahanan *RNA silencing* pada tanaman inang, sehingga mendukung kelangsungan infeksi virus (Moreno *et al.* 2022). Keberhasilan amplifikasi gen p23 menguatkan indikasi CTV secara molekuler sekaligus membuka peluang untuk studi lebih lanjut terkait virulensi atau perbedaan strain di masa mendatang.

Studi ini merupakan kajian awal mengenai status terkini CTV di Sulawesi Tenggara melalui teknik deteksi serologi maupun molekuler. Akan tetapi, studi epidemiologi penyakit tristeza terkait sebaran yang lebih luas serta keragaman genetiknya masih belum dilakukan di Indonesia. Selain itu, adanya kemungkinan infeksi ganda antara CTV dan Clas di lapangan perlu dikonfirmasi lebih lanjut.

UCAPAN TERIMA KASIH-

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Kemendikbudristek, Direktorat Riset, Teknologi, dan Pengabdian kepada Masyarakat (DRTPM) atas pendanaan Tahun Anggaran 2024 melalui program Penelitian Tesis Magister (PTM), sesuai dengan kontrak nomor 58/UN29.20/PG/2024, tanggal 13 Juni 2024. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada BRIN, LPPM Universitas Halu Oleo, para petani jeruk, Laboratorium Virologi Tumbuhan IPB, serta mahasiswa yang telah memberikan bantuan dalam pelaksanaan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Badan Pusat Statistik. 2023. Produksi tanaman buah-buahan. <https://www.bps.go.id/linkTableDinamis/view/id/960> [diakses 10 Jan 2025].
- Budiarto R, Mubarak S, Sholikin MM, Sari DN, Khalisha A, Sari SL, Rahmat BP, Ujilestari T, Adli DN. 2024. Vitamin C variation in citrus in response to genotypes, storage temperatures, and storage times: a systematic review and meta-analysis. *Heliyon*. 10(e29125):1–17. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e29125>.
- Dovas CI, Hatziloukas E, Salomon R, Barg E, Shibolet Y, Katis NI. 2001. Comparison of methods for virus Detection in *Allium* spp. *Journal of Phytopathology*. 149:731–737. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2001.00705.x>.

- Dwiastuti ME, Widyaningsih S. 2016. Ketahanan aksesori jeruk seedles terhadap tiga strain virus tristeza jeruk. *Jurnal Hortikultura*. 26(2):235–244. DOI: <https://doi.org/10.21082/jhort.v26n2.2016.p235-244>.
- Ghosh DK, Kokane A, Kokane S, Mukherjee K, Tenzin J, Surwase D, Deshmukh D, Gubyad M, Biswas KK. 2022. A Comprehensive analysis of citrus tristeza variants of Bhutan and across the world. *Frontiers in Microbiology*, 13:1–17. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.797463>.
- Hall TA. 1999. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *NucleicAcidsSymposiumseries*. 41:95–98.
- Kokane A, Lawrence K, Surwase D, Misra P, Warghane A, Ghosh DK. 2020. Development of reverse transcription duplex PCR (RT-d-PCR) for simultaneous detection of the *Citrus tristeza virus* and Indian *Citrus ringspot virus*. *International Journal of Innovative Horticulture*. 9(2):131–138. DOI: <https://doi.org/10.5958/2582-2527.2020.00016.0>.
- Nurulita S, Hidayat SH, Mutaqin KH, Undaharta NKE. 2023. Status terkini infeksi *Citrus tristeza virus* di indonesia: Studi kasus pada pertanaman jeruk di Kabupaten Bangli, Provinsi Bali. Di dalam: *Seminar Ilmiah Dan Kongres Perhimpunan Fitopatologi Indonesi XXVII*; 2023 Juli 27-29; Lampung (ID): Universitas Lampung. Hlm 146.
- Moreno P, Lopez C, Ruiz-Ruiz S, Pena L, Guerri J. 2022. From the smallest to the largest subcellular plant pathogen: *Citrus tristeza virus* and its unique p23 protein. *Virus Research*. 314:198755. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198755>.
- Muhire BM, Varsani A, Martin DP. 2014. SDT: a virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. *PloS One*. 9(9):e108277. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0108277>.
- Puspitaningtyas K. 2024. Incidence and detection of citrus tristeza virus infecting citrus in West Java. [skripsi]. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Rizal M, Mutaqin KH, Suastika G. 2016. Deteksi dan evaluasi keragaman genetika candidatus *liberibacter asiaticus* sebagai penyebab penyakit huanglongbing di indonesia berdasarkan gen β -operon. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*. 12(5):168–177. DOI: <https://doi.org/10.14692/jfi.12.5.168>.
- Ratu S, Taufik M, Khaeruni A. 2020. Insidensi penyakit *Citrus vein phloem degeneration* (CVPD) dan kepadatan populasi serangga vektor *Diaphorina citri* pada tanaman jeruk di Pulau Siompu Kabupaten Buton Selatan. *Jurnal Berkala Penelitian Agronomi*. 8(1):33–39. DOI: <https://doi.org/10.33772/bpa.v8i1.13854>.
- Rubio L, Galipienso L, Ferriol I. 2020. Detection of plant viruses and disease management: relevance of genetic diversity and evolution. *Frontiers in Plant Science*. 11(1092):1–23. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01092>.
- Sakamoto S, Putalun W, Vimolmangkang S, Phoolcharoen W, Shoyama Y, Tanaka H, Morimoto S. 2018. Enzyme-linked immunosorbent assay for the quantitative/qualitative analysis of plant secondary metabolites. *Journal of Natural Medicines*. 72(1):32–42. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11418-017-1144-z>.
- Tamura K, Stecher G, Kumar S. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*. 38(7):3022–3027. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.
- Taufik M. 2000. Uji ketahanan berbagai kultivar jeruk terhadap *Citrus tristeza virus*. [Tesis]. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Taufik M, Bande LOS. 2002. Deteksi keberadaan *Citrus tristeza virus* (CTV) dan serangga vektornya pada jeruk siompu di Provinsi Sulawesi Tenggara. *Habitat*. 8(3):185–192.
- Taufik M, Khaeruni A, Pakki T, Giyanto G. 2010. Deteksi keberadaan *Citrus Vein Phloem Degeneration* (CVPD) dengan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

- di Sulawesi Tenggara. *Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan Tropika*. 10(1):73–79. DOI: <https://doi.org/10.23960/j.hptt.11073-79>.
- Tuwo M, Kuswinanti T, Nasruddin A, Tambaru E. 2024. Uncovering the presence of CVPD disease in citrus varieties of South Sulawesi, Indonesia: a molecular approach. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 22(1):1–8. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2023.100332>.