

Begomovirus: Potensi ancaman pertanian hortikultura lampung

Selvi Helina¹, Hasriadi Mat Akin², Suskandini Ratih Dirmawati², Yuyun Fitriana², Tri Maryono², Radix Suharjo², Cipta Ginting²

¹Doktor Ilmu Pertanian, Fakultas Pertanian Universitas Lampung, Jl. Sumantri Brojonegoro, Bandar Lampung, Provinsi Lampung.

²Jurusan Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Lampung, Bandar Lampung

Abstract: Begomoviruses are a group of plant viruses belonging to the *Geminiviridae* family, persistently transmitted by the whitefly *Bemisia tabaci*, and pose a serious threat to horticultural crops in Lampung Province, Indonesia. These viruses infection symptoms such as mosaic, chlorosis, leaf curling, and stunted growth, with yield losses reaching up to 90%. The spread is exacerbated by intensive cultivation practices, the use of uncertified seeds, and tropical climates that favor high vector populations. This study explores the biological characteristics of Begomoviruses, their transmission mechanisms via vectors, and their high genetic variability due to frequent mutation and recombination. Several begomovirus species have been identified infecting key horticultural crops in Lampung, including *Ageratum yellow vein virus* (AYVV), *Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi virus* (TYLCKaV), and *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PepYLCIV). In addition to vector transmission, some begomovirus species are also known to be seed-transmitted, expanding their epidemic potential. Integrated management strategies discussed in this article include the use of resistant varieties, biological and agronomic control of vectors, and the development of innovative approaches such as mild strain cross-protection. This review emphasizes the need for continuous monitoring and science-based sustainable strategies to mitigate the impact of Begomoviruses on food security and horticultural productivity in tropical regions such as Lampung.

Keywords: begomovirus, horticultural crop, integrated pest management, whitefly vector

Pendahuluan

Provinsi Lampung merupakan salah satu daerah strategis dalam pengembangan sektor hortikultura di Indonesia. Berbagai komoditas unggulan daerah seperti cabai, tomat, terong, dan mentimun tidak hanya memenuhi kebutuhan lokal dalam provinsi, tetapi juga berkontribusi terhadap pasokan nasional dan sebagian masuk pasar ekspor (Helina *et al.*, 2022). Namun, sektor ini menghadapi tantangan serius berupa serangan penyakit tanaman yang mengancam produksi dan kualitas hasil komoditas ini. Salah satu ancaman utama yang terus meningkat akhir-akhir ini adalah infeksi begomovirus. Virus ini sangat merugikan, terutama pada komoditas seperti cabai, tomat, dan terong (Helina *et al.*, 2022; Widodo *et al.*, 2023; Helina *et al.*, 2024). Gejala yang diekspresikan oleh tanaman yang terinfeksi virus ini berupa mosaik, klorosis, pertumbuhan terhambat, dan keriting daun (Helina *et al.*, 2022; Helina *et al.*, 2024). Hal ini tentu dapat secara signifikan menurunkan hasil panen berbagai komoditas hortikultura tersebut.

Begomovirus merupakan kelompok virus tanaman yang berasal dari famili *Geminiviridae* yang dapat menyebabkan penyakit dengan tingkat kerusakan tinggi yang mencapai 70 – 90% (Fiallo-Olive & Navas-Castillo, 2023). Virus ini dibawa dan ditularkan secara persisten oleh kutu kebul (*Bemisia tabaci*), serangga vektor yang sangat adaptif terhadap perubahan lingkungan dan dapat secara cepat berpindah dan menyebar di berbagai lahan pertanian (Helina *et al.*, 2022; Barboza *et al.*, 2019). Di Provinsi Lampung, serangan begomovirus telah menyebabkan kerugian besar, baik dari sisi penurunan hasil panen maupun meningkatnya biaya produksi akibat kebutuhan pengendalian tambahan (Helina *et al.*, 2022; Akin *et al.*, 2023). Dampak ini tidak hanya dirasakan oleh petani, tetapi juga berpengaruh terhadap rantai pasok hortikultura secara lebih luas.

Penyebaran begomovirus di Provinsi Lampung diperparah oleh berbagai faktor, seperti pola budidaya intensif, penggunaan bibit tanaman yang tidak tersertifikasi, pola

Sitasi: Helina S, Akin H M, Dirmawati S R, Fitriana Y, Maryono T, Suharjo R, & Ginting C. 2025. Kajian takonomi penyakit bulai pada tanaman jagung dan pengendaliannya. JPA 2(2): 42-55.

Artikel masuk: 6 Agustus 2025
Revisi diterima: 19 Agustus 2025
Publikasi online: 25 Agustus 2025

*Penulis korespondensi:
Selvi Helina
(selvi.helina@fp.unila.ac.id)

perubahan iklim yang sesuai perkembangan vektor, serta sistem deteksi dini yang minim dan tindakan pengendalian yang tidak efektif (Akin *et al.*, 2023; Helina *et al.*, 2022). Selain itu, kemampuan virus untuk bermutasi dan beradaptasi dengan baik dan cepat menambah tingkat kesulitan dalam upaya pengendaliannya (Butkovic & Gonzalez, 2022). Beberapa spesies begomovirus yang telah berhasil diidentifikasi pada tanaman hortikultura di Provinsi Lampung diantaranya *Tomato yellow leaf curl virus*, *Pepper yellow mottle virus*, and *Ageratum yellow vein virus* (Helina *et al.*, 2022; Trisno *et al.*, 2009; Helina *et al.*, 2024).

Karena potensi kerugian yang ditimbulkan sangat besar, pemahaman menyeluruh mengenai karakteristik begomovirus, mekanisme dan pola penyebarannya, vektor yang terlibat, serta strategi pengendalian yang tepat menjadi hal yang krusial. Artikel ini bertujuan untuk membahas secara mendalam mengenai begomovirus sebagai ancaman utama bagi petani hortikultura di Provinsi Lampung, sekaligus menawarkan alternatif solusi berbasis pendekatan ilmiah yang berkelanjutan.

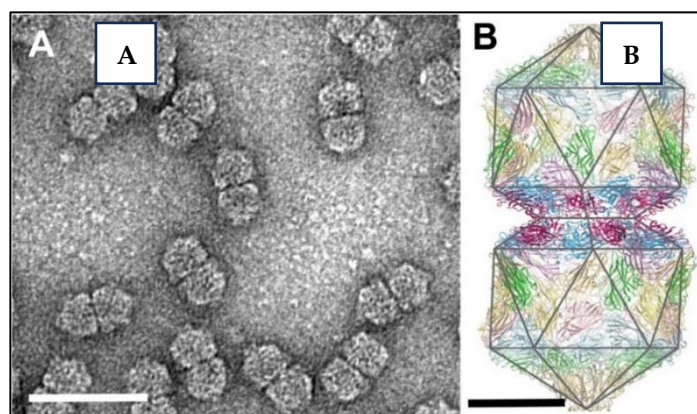
Pembahasan

Karakteristik begomovirus

Begomovirus merupakan salah satu genus dalam famili *Geminiviridae*, yang mencakup virus tumbuhan berpartikel kembar (*geminata*) memiliki bentuk ikosahedral (Gambar 1) dengan genom DNA untai tunggal (*single-stranded DNA*) (Fiallo-Olivé *et al.*, 2021). Genom begomovirus dapat bersifat monopartit (satu segmen genom) atau bipartit (dua segmen genom, yaitu DNA-A dan DNA-B), bergantung pada spesiesnya. Keberagaman struktur genom tersebut memberikan kemampuan adaptif yang tinggi, memungkinkan virus ini untuk bertahan dan berkembang dalam berbagai kondisi lingkungan serta menjangkiti beragam tanaman inang (Saxena & Tiwari, 2017).

Begomovirus dengan genom bipartit mengodekan enam open reading frame (ORF), terdiri dari dua ORF pada untai virion (AV1 dan AV2) dan empat ORF pada untai komplementer (AC1, AC2, AC3, dan AC4). Segmen DNA-A mengodekan protein-protein esensial untuk replikasi dan regulasi ekspresi gen, yang mencakup gen AV1 (coat protein), AC1 (replication associated protein), AC2 (transactivation protein), AC3 (enhancer), AC4, dan Intergenic Region (Tan *et al.*, 1995). Sementara itu, DNA-B mengodekan protein yang terlibat dalam pergerakan virus di dalam tanaman inang (Fiallo-Olivé *et al.*, 2021; Nouceiry *et al.*, 1994).

Begomovirus monopartit mengodekan protein yang setara dengan protein pada genom bipartit, namun tanpa awalan "A". Pada virus monopartit, ditemukan molekul DNA untai tunggal tambahan yang dikenal sebagai alfa-satelit dan beta-satelit. Molekul satelit ini sering berperan sebagai viral suppressor of RNA silencing (VSR) dan berperan dalam penekanan ekspresi gen pada tanaman inang. Untuk replikasi, pelapisan, dan pergerakan, begomovirus monopartit sering kali memerlukan virus pendamping. Gen yang terdapat pada alfa-satelit bertanggung jawab dalam proses sintesis protein inisiator replikasi, sedangkan gen yang terdapat pada beta-satelit berkontribusi dalam pengaturan tingkat patogenisitas virus terhadap tanaman inang. (Kumar *et al.*, 2008; Venkataravanappa *et al.*, 2011).



Gambar 1. Partikel begomovirus (ICTV)

Dari 445 spesies yang telah diusulkan dalam genus *Begomovirus*, 164 di antaranya bersifat bipartit (*The International Committee on Taxonomy of Viruses*). Di Indonesia, begomovirus bipartit lebih dominan, terutama pada tanaman hortikultura seperti tomat,

cabai, dan kacang-kacangan, dengan beberapa spesies virus yang telah teridentifikasi, seperti *Tomato leaf curl Kanchanaburi virus* (TYLCKaV), *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV), dan *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PepYLCIV) (Haq *et al.*, 2011; Kenyon *et al.*, 2014). Namun, keberadaan begomovirus monopartit juga telah dilaporkan, seperti *Ageratum yellow vein virus* (AYVV) (Tan *et al.*, 1995), *Tomato leaf curl virus* (ToLCV), dan *Tomato leaf curl Java virus* (ToLCJaV) (Kenyon *et al.*, 2014).

Begomovirus memiliki kemampuan evolusi yang cepat melalui mutasi, rekombinasi antar strain, dan asosiasi dengan elemen genetik lain seperti betasatelit. Evolusi ini mempercepat munculnya strain baru dengan tingkat virulensi yang lebih tinggi atau rentang inang yang lebih luas, yang menambah kompleksitas dalam pengendalian penyakit. Meskipun asal-usul DNA-A pada begomovirus belum dipastikan secara jelas, beberapa penelitian menunjukkan bahwa DNA-A dan DNA-B memiliki asal yang berbeda. DNA-B diduga berasal dari molekul satelit yang kemudian diakuisisi oleh begomovirus monopartit atau nenek moyangnya (Briddon *et al.*, 2010). Analisis sekuens menunjukkan bahwa meskipun DNA-A dan DNA-B selalu berasosiasi, keduanya memiliki sejarah evolusi yang berbeda, di mana DNA-B lebih menunjukkan variasi genetik akibat mutasi dan rekombinasi dibandingkan dengan DNA-A (Briddon *et al.*, 2010; Xavier *et al.*, 2021).

Begomovirus menunjukkan laju evolusi yang cepat oleh mekanisme mutasi, rekombinasi antargenotipe, serta interaksi dengan elemen genetik tambahan seperti betasatelit (Fiallo-Olivé *et al.*, 2021). Proses evolutif ini mendorong kemunculan strain-strain baru yang memiliki virulensi lebih tinggi atau rentang inang yang lebih luas, sehingga menyulitkan upaya pengendalian penyakit. Meskipun asal-usul DNA-A pada begomovirus belum sepenuhnya diketahui, beberapa studi mengindikasikan bahwa DNA-A dan DNA-B berasal dari asal yang berbeda. DNA-B diperkirakan merupakan turunan dari molekul satelit yang kemudian diintegrasikan ke dalam genom begomovirus monopartit atau leluhurnya (Briddon *et al.*, 2010). Analisis sekuens menunjukkan bahwa meskipun DNA-A dan DNA-B selalu ditemukan berasosiasi, keduanya memiliki jejak evolusi yang berbeda, dengan DNA-B memiliki tingkat variasi genetik yang lebih tinggi akibat mutasi dan rekombinasi dibandingkan DNA-A (Briddon *et al.*, 2010; Xavier *et al.*, 2021).

Selain itu begomovirus dapat berevolusi yang cepat melalui mekanisme mutasi, rekombinasi antargenotipe, serta interaksi dengan elemen genetik tambahan seperti betasatelit (Ha *et al.*, 2008). Proses evolusi ini mempercepat terbentuknya berbagai strain baru dengan kemampuan virulensi yang lebih tinggi dan kisaran inang yang lebih luas. Fenomena tersebut semakin mempersulit upaya pengendalian penyakit, karena strategi yang efektif terhadap satu strain belum tentu efektif terhadap strain lainnya (Varma & Singh, 2024).

Di Provinsi Lampung, beberapa spesies begomovirus telah diidentifikasi menginfeksi tanaman hortikultura, seperti *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) (Helina *et al.*, 2022) pada tomat, *Ageratum yellow vein virus* pada tanaman pepaya (Helina *et al.*, 2024) dan *Pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PepYLCIV) pada cabai (Helina *et al.*, 2024). Infeksi virus ini sering terjadi bersamaan dengan infeksi sekunder oleh patogen lain, yang menyebabkan kerusakan yang lebih parah pada tanaman inang. Gejala infeksi pada tanaman cabai yang terinfeksi PepYLCIV mencakup daun yang menguning dan menggulung, serta penurunan pertumbuhan tanaman secara signifikan (Helina *et al.*, 2024). Infeksi virus-virus ini menyebabkan kerugian ekonomi yang cukup besar bagi petani karena menurunnya hasil dan kualitas tanaman.

Dengan karakteristik biologis yang kompleks dan kemampuan beradaptasi yang tinggi, begomovirus menjadi ancaman serius bagi produktivitas hortikultura di Lampung. Oleh karena itu, kajian mendalam mengenai biologi virus, interaksinya dengan vektor, serta faktor-faktor ekologi yang mendukung dan menghambat penyebarannya sangat penting untuk merancang strategi pengendalian yang efektif dan berkelanjutan.

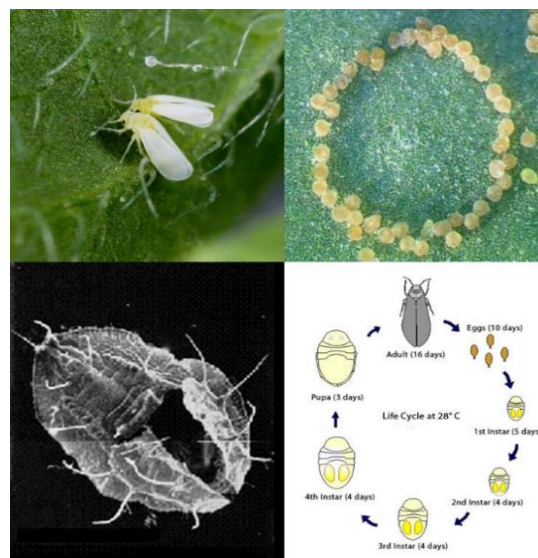
Kutu kebul (*Bemisia tabaci*) sebagai vektor begomovirus

Bemisia tabaci adalah hama polifag dengan kisaran tanaman inang yang luas. Serangga ini melakukan aktifitas makan dengan menghisap cairan tanaman dan menularkan begomovirus pada berbagai tanaman, terutama tanaman hortikultura. Hama ini memiliki kemampuan bermigrasi yang baik dan reproduksi yang tinggi, baik di dataran tinggi maupun rendah, sehingga membuatnya menjadi ancaman serius bagi pertanian (Naranjo *et al.*, 2005; Gerling & Mayer, 1996). Beberapa penelitian menunjukkan bahwa imago kutu kebul aktif mencari makan di pagi hari antara pukul 07.00-10.30, dengan kisaran jarak terbang yang relatif pendek, yakni sekitar 150 m dengan dibantu oleh angin (Byrne &

Houck, 1990; Murgianto, 2017). *B. tabaci* diklasifikasikan sebagai famili *Aleyrodidae* yang masuk dalam Ordo *Hemiptera* (Fan & Frederick, 1998)

Siklus hidup kutu kebul berlangsung sekitar 24-35 hari, bergantung pada kondisi lingkungan, ketersediaan makanan, jenis kelamin, dan biotipe. Rata rata pada tanaman terinfeksi siklus hidupnya menjadi lebih pendek yaitu sekitar 21.5 hari, dibandingkan dengan pada tanaman sehat yang rata-rata mencapai 24.7 hari (Murugesan & Chelliah, 1978; Murgianto, 2017). Hal ini diduga disebabkan perbedaan jumlah ketersediaan nutrisi antara tanaman sehat dan tanaman yang terinfeksi virus.

Siklus hidup kutu kebul dimulai dari telur, kemudian melalui tahap nimfa (instar I), pupa (instar IV), dan akhirnya menjadi imago dewasa (Gambar 2) (Gangwar & Gangwar, 2018; Murgianto, 2017). Telur kutu kebul, yang berukuran sekitar 0.2 mm, diletakkan dalam kelompok melingkar di bawah daun, terutama pada daun muda. Telur ini akan menetas dalam waktu 5-9 hari pada suhu hangat sekitar 30°C. Setelah menetas, nimfa instar pertama (*crawler*) berwarna putih, berbentuk oval dan pipih, dengan panjang tubuh sekitar 0,7 mm. Pada tahap ini, nimfa aktif bergerak menuju permukaan bawah daun untuk mengisap cairan dari jaringan floem. Selama aktivitas makan, nimfa juga menghasilkan embun madu yang dapat menjadi substrat bagi pertumbuhan cendawan embun jelaga, yang berpotensi mengganggu proses fotosintesis dan menurunkan produktivitas tanaman. Selanjutnya, nimfa mengalami perkembangan melalui instar kedua, ketiga, dan keempat, sebelum memasuki fase pupa. Pupa berwarna kuning, dilapisi oleh lapisan lilin pelindung, dan berukuran sekitar 0,6–0,8 mm. Pada tahap ini terjadi proses ganti kulit (*molting*) serta pembentukan struktur tubuh dewasa, termasuk otot dan sayap imaginal. Setelah proses metamorfosis selesai, individu dewasa (*imago*) muncul dengan panjang tubuh sekitar 1 mm dan memiliki sayap berwarna putih yang tertutup lapisan lilin (Gangwar dan Gangwar, 2018; Murgianto, 2017).



Gambar 2. Representasi morfologi dan perilaku kutu kebul pada beberapa tahap perkembangan. Tampak dari atas ke bawah serta dari kiri ke kanan: individu jantan berukuran lebih kecil dan individu betina saat melakukan aktivitas makan pada permukaan daun; pola peletakan telur yang membentuk lingkaran khas oleh kutu kebul; serta eksuvia (eksoskeleton) yang tertinggal setelah serangga bermetamorfosis menjadi dewasa (disitasi dan diadaptasi dari Prota, 2015).

Kutu kebul diketahui menyerang lebih dari 600 spesies tanaman dari berbagai famili, termasuk *Asteraceae*, *Compositae*, *Cruciferae*, *Cucurbitaceae*, *Euphorbiaceae*, *Fabaceae*, *Lamiaceae*, *Leguminosae*, *Malvaceae*, dan *Solanaceae* (Bayhan *et al.*, 2006). Selain sebagai hama langsung, serangga ini juga memiliki peran sebagai vektor utama bagi sejumlah virus patogen tanaman, antara lain dari genera *Geminivirus*, *Crinivirus*, serta *Carlavirus* atau *Ipomovirus* (Mauck *et al.*, 2012). Khusus untuk begomovirus, yang merupakan virus DNA, penularan terjadi melalui mekanisme persisten-sirkulatif. Hal ini berbeda dengan penularan virus RNA, yang umumnya berlangsung melalui mekanisme non-persisten atau semi-persisten (Ghosh & Chakraborty, 2021).

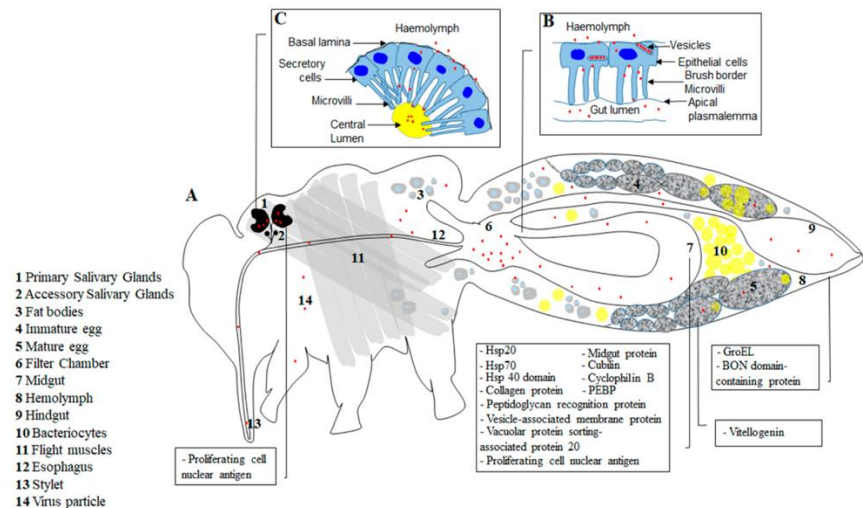
Kerusakan yang ditimbulkan oleh kutu kebul pada tanaman budidaya dapat mencapai tingkat kerusakan yang sangat tinggi, bahkan hingga mencapai 100%, terutama apabila serangan disertai dengan penularan virus. Secara umum, kerusakan yang ditimbulkan dapat diklasifikasikan menjadi dua kategori. Pertama, kerusakan langsung (*direct feeding*), yaitu akibat dari aktivitas makan kutu kebul dengan penghisapan cairan floem. Aktivitas ini menyebabkan gangguan aliran nutrisi dalam tanaman, yang berdampak pada penurunan pertumbuhan, produktivitas, dan vitalitas tanaman. Kedua, kerusakan tidak langsung (*indirect feeding*), yang diakibatkan oleh ekskresi cairan manis (embun madu) oleh serangga tersebut. Sekresi ini memfasilitasi pertumbuhan cendawan embun jelaga yang menutupi permukaan daun dan secara signifikan menghambat proses fotosintesis, sehingga memperburuk kondisi tanaman (Lopez & Cock, 1986). Selain itu, kutu kebul juga berperan sebagai vektor utama dalam penularan begomovirus, yang semakin memperparah dampak serangannya terhadap tanaman inang (Gangwar *et al.*, 2018).

Tingkat populasi kutu kebul di lahan budidaya dipengaruhi oleh sejumlah faktor lingkungan dan agronomis, antara lain suhu, kelembapan udara, curah hujan, fase pertumbuhan tanaman, tingkat kesuburan, serta kerimbunan tajuk tanaman (Zaini *et al.*, 2009; Padhi *et al.*, 2017). Selain faktor lingkungan, keberadaan biotipe yang berbeda juga memengaruhi dinamika populasi dan dampak biologis kutu kebul. Biotipe yang berbeda menunjukkan variasi dalam preferensi makan, jumlah telur yang dihasilkan, durasi siklus hidup, ukuran tubuh, jenis geminivirus yang dapat ditransmisikan, serta tingkat toleransi terhadap insektisida. Hingga saat ini, telah diidentifikasi berbagai biotipe seperti AN, B, B2, C, D, E, H, I, J, K, L, M, N, NA, O, P, Q, R, dan S. Di antara biotipe tersebut, biotipe B dikenal paling resisten terhadap insektisida dan telah tersebar luas di wilayah Indonesia (Hidayat *et al.*, 2008; Fitrian, 2019).

Mekanisme infeksi begomovirus

Penyebaran begomovirus melalui kutu kebul terjadi dengan cara *circulative persistent transmission* (Rosen *et al.*, 2015). Kutu kebul memasukkan *stylet* dalam jaringan pembuluh tanaman untuk menghisap cairan yang berada dalam jaringan floem dan menginokulasikan partikel virion ke inangnya. Virion kemudian mengalami translokasi melalui saluran pencernaan, hemolimfa, dan kelenjar ludah kutu kebul, sebelum akhirnya ditularkan ke jaringan floem tanaman inang berikutnya yang dihisap oleh serangga tersebut. Protein pelapis (*coat protein*) yang terdapat pada permukaan virion memegang peranan penting dalam proses invasi virus ke dalam sistem reproduksi betina dari serangga vektor. Invasi ini memungkinkan terjadinya transmisi virus secara transovarial ke generasi keturunannya, meskipun tingkat infektivitas yang diturunkan bervariasi (Gray & Banerjee, 1999) (Gambar 3).

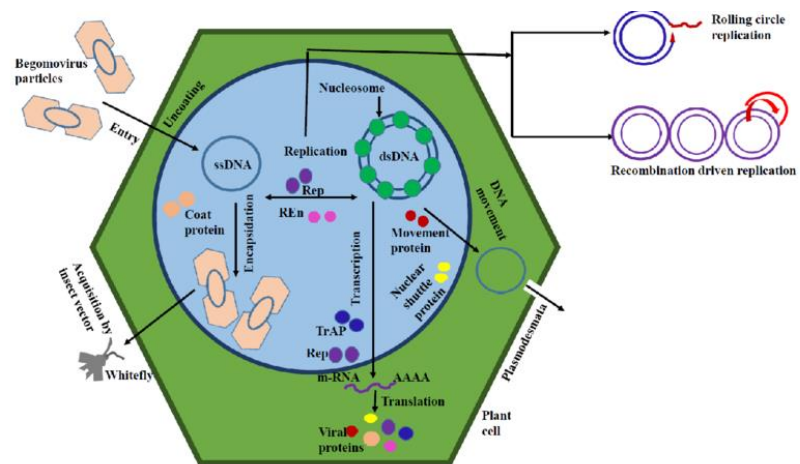
Virion begomovirus mampu memodifikasi siklus sel dan proses transkripsi pada sel inang guna menciptakan kondisi mikro yang menguntungkan bagi replikasi virus. Secara umum, replikasi genom DNA sirkular begomovirus berlangsung melalui mekanisme *rolling circle replication* (RCR). Setelah ditularkan oleh kutu kebul, genom virus memasuki inti sel tanaman dan menjalani proses replikasi yang terdiri dari tiga tahapan utama. Pada tahap inisiasi, DNA untai tunggal (ssDNA) virus berinteraksi dengan faktor-faktor seluler inang, kemudian dikonversi menjadi DNA untai ganda (dsDNA) superkoil dengan bantuan enzim DNA polimerase milik inang, yang juga memicu ekspresi awal gen-gen virus. Tahap berikutnya melibatkan penggunaan dsDNA sebagai templat untuk sintesis ssDNA virus baru melalui mekanisme replikasi melingkar, yang mengandalkan kerja sama antara protein virus dan protein sel inang. ssDNA yang terbentuk kemudian diangkut kembali ke dalam kompleks replikasi, tempat berlangsungnya perakitan partikel virus baru dan proses penyebarannya ke jaringan tanaman lainnya (Ghosh *et al.*, 2021).



Gambar 3. Anatomi internal kutu putih (A) menggambarkan organ-organ utama dan protein-protein (ditunjukkan dalam kotak) yang berperan dalam transmisi sirkulatif virus tanaman oleh kutu kebul. Virus (yang digambarkan sebagai partikel merah, nomor 14) masuk tertelan dalam tubuh serangga bersama dengan cairan floem dan bergerak menuju usus tengah (7) melalui stilet (13) dan esofagus (12). Di area ruang filtrasi (6), partikel virus melintasi penghalang usus tengah (B) menuju hemolimfa (8) melalui plasmalema usus tengah dan permukaan epitel berupa brush border. Virus kemudian bersirkulasi dalam hemolimfa serangga dan mencapai kelenjar ludah primer (1), tempat virus diinternalisasi ke dalam kelenjar melalui lamina basal dan sel sekretori untuk mencapai lumen sentral yang bermuara ke saluran kelenjar ludah (C). Virus selanjutnya berpindah dari saluran kelenjar ludah ke saluran ludah dan dikeluarkan dari tubuh saat proses makan berlangsung. Kelenjar aksesori (2) tidak berperan dalam proses transmisi. Sebagian partikel virus yang tidak mencapai hemolimfa akan dikeluarkan bersama embun madu melalui saluran pencernaan belakang (*hindgut*). Virus (*Tomato yellow leaf curl virus*, TYLCV) telah terbukti dapat memasuki oosit yang sedang berkembang (4) dan telur (5), serta memungkinkan transmisi transovarial ke generasi berikutnya. Endosimbion (10) berperan penting dalam proses transmisi dengan mensekresikan protein GroEL ke dalam hemolimfa (Ghosh *et al.*, 2021).

Di dalam nukleus sel inang, molekul DNA begomovirus terintegrasi ke dalam struktur nukleosom inang, membentuk minikromosom yang berperan sebagai cetakan untuk proses transkripsi genom virus (Yadava *et al.*, 2010). Selain melalui *rolling circle replication*, begomovirus juga mampu melakukan replikasi melalui mekanisme *recombination-driven replication* (RDR), yaitu proses replikasi yang bergantung pada peristiwa rekombinasi. Mekanisme ini penting untuk memperbaiki fragmen DNA virus yang mengalami sintesis tidak sempurna atau kerusakan akibat aktivitas nuklease.

Aktivitas replikasi dan transkripsi virus dikendalikan oleh ekspresi gen yang diaktifkan secara bertahap, dimulai dari gen awal yang terlibat dalam inisiasi replikasi, diikuti oleh gen ekspresi lambat yang mengode protein penting untuk enkapsidasi dan pergerakan antar sel. Begomovirus juga memodulasi ekspresi genetik tanaman inang dan mengintervensi jalur pensinyalan seluler untuk meningkatkan virulensi dan keparahan penyakit setelah infeksi berhasil terjadi (Mansoor *et al.*, 2003). Ilustrasi skematik mengenai mekanisme infeksi begomovirus dalam sel tanaman ditampilkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Representasi diagramatik dari mekanisme infeksi begomovirus (Biswas & Mandal, 2025).

Begomovirus menunjukkan keragaman genetik yang sangat tinggi, terutama akibat rekombinasi antarspesies dan mutasi titik dalam susunan genomnya. Proses-proses ini mempercepat evolusi virus, memfasilitasi kemampuannya beradaptasi pada kondisi lingkungan yang berubah-ubah, sekaligus memperluas daftar inang yang dapat ia infeksi (Lefeuve & Moriones, 2015). Selain itu, beberapa jenis begomovirus berinteraksi dengan betasatelit fragmen DNA kecil tanpa kapsid yang berfungsi meningkatkan virulensi dan memperluas jangkauan inang (Briddon & Stanley, 2006).

Kapasitas reproduksi kutu kebul yang tinggi, bersama dengan faktor-faktor lain seperti jenis tanaman inang dan suhu lingkungan, turut menentukan laju perkembangan dan penyebarannya (Naranjo & Ellsworth, 2005; Huang *et al.*, 2008; Regniere *et al.*, 2012). Naranjo & Ellsworth (2005) menegaskan bahwa karakteristik tanaman inang sangat memengaruhi parameter hidup dan kelangsungan serangga ini. Kurniawan (2007) menemukan bahwa siklus generasi kutu kebul lebih singkat pada tanaman mentimun dibandingkan cabai. Selanjutnya, Huang *et al.* (2008) melaporkan bahwa peningkatan suhu mempercepat seluruh siklus hidupnya. Temuan serupa dicatat oleh Purbosari (2008), yang menyatakan bahwa fase imago kutu kebul pada suhu 29 °C berlangsung lebih cepat dibandingkan pada suhu ruang biasa atau 23 °C.

Di kawasan tropis seperti Indonesia, begomovirus menyerang beragam komoditas utama termasuk cabai, tomat, dan terung dan adaptabilitasnya yang tinggi, dipadukan dengan peran kutu kebul polifag yang sangat efisien sebagai vektor, menjadikannya patogen yang sulit dikendalikan. Beberapa studi bahkan mencatat perluasan inangnya hingga ke tanaman non hortikultura, misalnya singkong, yang menunjukkan adanya ekspansi ekologi dan potensi kerugian yang lebih luas bagi sistem pertanian (Mansoor *et al.*, 2003).

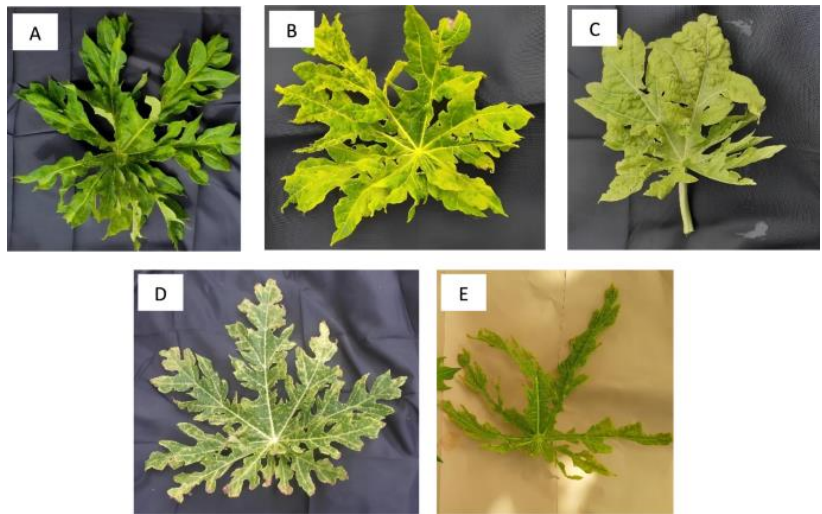
Pemahaman mendalam mengenai aspek molekuler begomovirus termasuk mekanisme interaksinya dengan vektor dan inang merupakan fondasi bagi pengembangan strategi kendali yang meliputi metode genetika, biologis, dan agronomi. Upaya seperti pemuliaan varietas tahan, penerapan agen hayati (misalnya isolat virus attenuasi atau modifikasi betasatelit), serta pemantauan keragaman genetik virus menggunakan teknik molekuler, menjadi langkah-langkah penting dalam manajemen penyakit begomovirus yang terpadu dan berkelanjutan.

Spesies *Begomovirus* di Provinsi Lampung

1. ***Ageratum yellow vein virus (AYVV)***. *Ageratum yellow vein virus (AYVV)* merupakan anggota genus *Begomovirus* dalam famili *Geminiviridae* yang ditransmisikan oleh kutu kebul (Helina *et al.*, 2021). Virus ini pertama kali diidentifikasi pada gulma *Ageratum conyzoides* tanaman penyangga yang sering tumbuh di lahan pertanian tropis. Infeksi AYVV memunculkan gejala klorosis, pengerutan dan penguningan tulang daun, serta berbagai malformasi pada tanaman inang (Gambar 5).

Untuk pertama kalinya, AYVV terdeteksi menginfeksi tanaman pepaya di Kecamatan Pesawaran, Lampung. Temuan ini mengundang keprihatinan karena sebelumnya virus ini sebagian besar hanya dilaporkan pada gulma seperti *A. conyzoides* dan beberapa tanaman hortikultura (*Solanum* spp.). Identifikasi dilakukan dengan PCR menggunakan primer

universal SPG1/SPG2 yang rutin dipakai untuk amplifikasi genom begomovirus. Hasil sekuensing mengungkap kemiripan hingga 98 % dengan isolat AYVV dari wilayah seperti Malaysia, India, dan Taiwan, yang menunjukkan kemungkinan perambatan virus secara regional baik melalui vektor maupun peredaran material tanaman.



Gambar 5. Gejala AYVV pada tanaman pepaya (Helina et al. 2024)

Gulma *A. conyzoides* dikenal luas sebagai inang utama dan reservoir alami AYVV, memungkinkan virus bertahan di lahan pertanian walau musim tanam berakhir. Keberadaannya di sekitar kebun pepaya memfasilitasi transmisi sekunder, di mana kutu putih berpindah dari gulma ke tanaman budidaya, memperbesar peluang infeksi.

2. **Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi virus (TYLCKaV).** Di Lampung Provinsi Lampung, TYLCKaV teridentifikasi menyerang terung ungu (Gambar 6). Analisis filogenetik berdasarkan sekuens gen AC1 dan AC2 memperlihatkan bahwa isolat Lampung memiliki profil genetik yang membedakannya dari isolat begomovirus pada inang lain. Selain itu, uji patogenisitas menunjukkan TYLCKaV mampu menginfeksi anggota Solanaceae lainnya, antara lain cabai merah keriting dan tomat rampai.



Gambar 6. Variasi gejala begomovirus pada tanaman terung dan tomat (Czosnek, 2012)

TYLCKaV dapat bertahan dan menyebar melalui koridor musim dan antar tanaman dikarenakan kisaran inang yang luas. Infeksi laten pada terung atau tomat rampai berpotensi menjadi sumber inokulum yang memicu serangan sekunder pada komoditas utama seperti cabai. Selain itu, peran kutu putih sebagai vektor primer mempercepat penularan virus secara horizontal antar tanaman.

3. **Pepper yellow leaf curl Indonesia virus (PepYLCIV).** *PepYLCIV*, begomovirus pertama yang tercatat menyerang cabai di Indonesia, memiliki genom bipartit dan keragaman genetik yang tinggi. Di Lampung, virus ini telah diidentifikasi dan dikenal mampu menginfeksi beragam inang, menyebabkan kerusakan serius. Penyebarannya sangat tergantung pada kutu kebul sebagai vektor utama, yang menularkan virus saat berpindah dan mengisap getah tanaman, bahkan melintasi jarak yang cukup jauh.

Pada tanaman cabai, infeksi PepYLCIV umumnya ditandai dengan daun menguning khususnya pada bagian daun muda yang kemudian bergulung, disertai pertumbuhan yang terhambat. Pada kasus infeksi berat, hasil panen menurun drastis, kualitas buah menurun, dan sering kali terjadi pengerutan serta penyusutan ukuran buah. Gejala-gejala tersebut mencerminkan penurunan aktivitas fotosintesis dan gangguan metabolisme tanaman. Secara ekonomi, kerugian akibat PepYLCIV cukup signifikan: sebagai komoditas primer di pasar domestik, penurunan produksi cabai dapat menekan pendapatan petani, mereduksi pasokan, dan memicu fluktuasi harga yang pada akhirnya menaikkan biaya produksi dan distribusi.

Penyebaran dan faktor yang mempengaruhi epidemi begomovirus

Infeksi begomovirus pada tanaman hortikultura ditandai oleh gejala klorosis, daun keriting, kerdil, dan nekrosis jaringan, yang mencerminkan gangguan dalam sintesis protein serta regulasi hormon tanaman (Morales & Jones, 2020). Secara ekonomi, serangan berat virus ini dapat menurunkan hasil panen hingga 100 %, terutama apabila infeksi terjadi pada fase awal pertumbuhan tanaman (Rojas *et al.*, 2018). Penyebaran virus dipacu oleh ledakan populasi vektor *Bemisia tabaci*, yang berkat kapasitas reproduksi tinggi dan kemampuannya beradaptasi pada beragam kondisi lingkungan menjadi sangat efisien menularkan virus ke tanaman sehat. Kondisi iklim tropis dengan suhu tinggi dan kelembapan optimal selanjutnya meningkatkan densitas populasi vektor, sehingga memfasilitasi terjadinya epidemi Begomovirus (Legarrea *et al.*, 2020).

Praktik budidaya yang kurang tepat seperti monokultur terus menerus, penggunaan benih rentan tanpa skrining virus, serta aplikasi pestisida yang tidak sesuai justru memperparah risiko infeksi dan mempercepat penyebaran virus di lapangan. Di samping mekanisme transmisinya melalui vektor, penularan seed-borne transmission juga memainkan peran penting dalam kelangsungan dan perluasan begomovirus (Baker, 1972; Albrechtsen, 2006; Hull, 2009). Mekanisme ini melibatkan interaksi kompleks antara virus dan inang selama perkembangan benih, dan bukti mengenai kemampuan begomovirus terbawa dalam benih telah menimbulkan minat untuk mengevaluasi validitas serta dampak epidemiologisnya dalam strategi pengelolaan penyakit tanaman jangka panjang (Bennet, 1969; Bos, 1977; Carroll, 1981).

Selama ini, infeksi begomovirus lewat benih dianggap tidak mungkin terjadi; oleh karena itu, mekanisme vertikal melalui benih umumnya diabaikan dalam model epidemiologi virus ini. Namun, sejak laporan pertama pada 2015 yang berhasil menunjukkan penularan *Sweet potato leaf curl virus* (SPLCV) melalui benih ubi jalar (Kim *et al.*, 2015), berbagai studi berikutnya telah membalikkan anggapan tersebut. Kini, setidaknya enam spesies begomovirus antara lain *Bitter melon yellow mosaic virus* (BgYMV), *Dolichos yellow mosaic virus* (DoYMV), *Mungbean yellow mosaic virus* (MYMV), SPLCV, *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV), dan *Tomato yellow leaf curl virus* (ToYLCV) telah terbukti hadir dalam jaringan benih dan, pada sejumlah kasus, menularkan infeksi ke bibit baru (Kil *et al.*, 2016; Kothandaraman *et al.*, 2016; Kil *et al.*, 2017, 2018; Sangeetha *et al.*, 2018; Suruthi *et al.*, 2018; Manivannan *et al.*, 2019; Devi *et al.*, 2023).

Meski beberapa isolat hanya terdeteksi dalam benih tanpa menimbulkan penularan saat perkecambahan, penelitian-penelitian tersebut secara kolektif memberikan bukti bahwa seed-borne transmission merupakan fenomena nyata untuk beberapa begomovirus, sehingga mengharuskan peninjauan ulang konsep sirkulasi global dan potensi wabah pada tanaman pertanian. Ringkasan sifat seed-borne dan tingkat keberhasilan penularan melalui benih untuk virus-virus ini disajikan pada Tabel 2. Di luar genus *Begomovirus*, kasus penularan benih juga telah dicatat pada anggota lain dalam famili *Geminiviridae*, seperti *Beet curly top virus* dan *Beet curly top Iran virus* (genus *Becurtovirus*) (Anabestani *et al.*, 2017) serta *sweet potato symptomless virus 1* (genus *Mastrevirus*) (Qiao *et al.*, 2020), menegaskan perlunya studi lebih luas untuk memahami peran seed-borne transmission dalam epidemiologi penyakit virus tanaman.

Penularan begomovirus melalui benih dianggap sebagai mekanisme epidemiologis yang krusial, karena meskipun prevalensi infeksi pada benih relatif rendah, keberadaan patogen dalam biji memungkinkan persistensi virus selama fase inaktif serta memfasilitasi dispersi antarwilayah. Infeksi primer dari benih yang terkontaminasi kemudian diperkuat oleh populasi vektor kutu kebul yang melimpah dan memiliki efisiensi transmisi horizontal yang tinggi, sehingga mempercepat perluasan wabah di tingkat lapangan. Namun, laju penularan vertikal melalui benih bukanlah faktor tunggal pendorong epidemi; dinamika populasi vektor, variabel lingkungan, dan tingkat resistensi inang turut berkontribusi secara

signifikan. Di Indonesia, khususnya di Lampung, dampak kerusakan akibat begomovirus pada tanaman hortikultura didukung oleh temuan tingginya keragaman genetik isolat virus di wilayah tersebut, yang mengindikasikan terdapat proses adaptasi terus-menerus terhadap kondisi agroekologi dan inang potensial.

Strategi pengendalian begomovirus

1. **Penggunaan varietas tahan.** Pemuliaan tanaman tahan virus merupakan pendekatan pengendalian jangka panjang yang efektif dan berkelanjutan untuk mengatasi infeksi begomovirus. Strategi ini memanfaatkan sumber daya genetik alami berupa gen ketahanan (R-gen) yang terdapat pada tanaman budidaya maupun kerabat liarnya. Beberapa gen ketahanan terhadap begomovirus telah berhasil diidentifikasi, salah satunya adalah gen Ty-1 pada tomat yang memberikan ketahanan spesifik terhadap *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) (Koeda, 2023). Gen yang berasal dari plasma nutfah *Solanum chilense* ini diketahui bekerja melalui mekanisme epigenetik dengan meningkatkan metilasi DNA virus, sehingga secara efektif menghambat replikasi patogen dalam jaringan tanaman (Koeda, 2023).

Perkembangan terkini dalam eksplorasi sumber ketahanan menunjukkan bahwa beberapa aksesori liar memiliki potensi sebagai donor gen ketahanan terhadap berbagai spesies begomovirus. Penelitian Dhillon *et al.* (2021) berhasil mengidentifikasi sumber ketahanan terhadap *Squash leaf curl China virus* (SLCCNV) dan *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV) pada tanaman *Cucurbitaceae* dan *Solanaceae*. Yang menarik, tanaman yang mengandung gen ketahanan ini mampu menunjukkan reaksi imun tanpa gejala (*symptomless resistance*) meskipun terinfeksi virus.

Beberapa spesies liar seperti *Solanum habrochaites*, *Capsicum chinense*, dan *Cucurbita moschata* telah terbukti memiliki ketahanan alami terhadap berbagai strain begomovirus. Plasma nutfah ini berpotensi sebagai sumber gen ketahanan yang dapat diintrogresikan ke varietas komersial melalui teknik pemuliaan konvensional maupun pendekatan bioteknologi modern. Keunggulan utama penggunaan varietas tahan virus terletak pada kemampuannya mengurangi ketergantungan terhadap aplikasi pestisida kimiawi, sekaligus memberikan perlindungan yang bersifat sistemik dan berkelanjutan. Dengan demikian, strategi ini tidak hanya efektif dalam pengendalian penyakit, tetapi juga mendukung sistem produksi pertanian yang ramah lingkungan.

2. **Pengendalian vektor secara terpadu.** Karena begomovirus hanya ditularkan secara persisten oleh kutu kebul, pengelolaan populasi vektor menjadi komponen esensial dalam pengendalian penyakit ini. Beberapa metode pengelolaan vektor yang efektif meliputi penggunaan perangkap kuning untuk memantau dan mengurangi populasi serangga dewasa, aplikasi insektisida selektif berbahan aktif ramah lingkungan, serta penerapan tanaman perangkap atau sistem tumpangsari untuk meminimalkan penyebaran vektor. Selain itu, pemanfaatan musuh alami seperti predator (*Coccinellidae*), parasitoid (*Encarsia formosa*), dan jamur entomopatogen (*Beauveria bassiana*) dapat berperan penting dalam menekan populasi kutu kebul secara berkelanjutan (Sarwar *et al.*, 2020). Pendekatan terpadu ini tidak hanya mengendalikan transmisi virus tetapi juga mengurangi ketergantungan pada insektisida kimia sintetik.

3. **Eksplorasi isolat lemah (*mild strain cross protection*).** Penggunaan isolat lemah dari begomovirus sebagai agen penginduksi ketahanan tanaman melalui mekanisme *cross-protection* merupakan pendekatan yang tengah dikembangkan dalam pengelolaan penyakit virus tanaman. Strategi ini memanfaatkan infeksi awal oleh isolat yang kurang virulen untuk mencegah infeksi selanjutnya oleh strain yang lebih agresif (García-Arenal & McDonald, 2003). Teknik ini, dikenal sebagai *mild strain cross-protection* (MSCP), telah menunjukkan efektivitasnya dalam menurunkan tingkat keparahan penyakit virus pada berbagai komoditas. Contoh aplikatifnya termasuk pemanfaatan isolat lemah *Citrus tristeza virus* (CTV) di Florida, Amerika Serikat, guna melindungi tanaman jeruk dari strain penyebab *stem pitting*, serta penggunaan isolat PRSV HA 5-1 pada tanaman pepaya di Hawaii. Meski demikian, keberhasilan pendekatan ini umumnya bersifat spesifik terhadap strain, sehingga diperlukan eksplorasi dan pengembangan isolat lemah baru guna memperluas cakupan perlindungan. Di samping itu, pengendalian begomovirus yang efektif di lapangan tetap membutuhkan pendekatan terpadu, antara lain penggunaan benih bersertifikat bebas virus, penerapan teknik budidaya yang baik, serta edukasi petani secara berkelanjutan.

Simpulan

Begomovirus merupakan ancaman utama bagi keberlanjutan produksi hortikultura di Provinsi Lampung. Virus ini ditularkan secara persisten oleh kutu kebul (*Bemisia tabaci*) dan menunjukkan keragaman genetik tinggi serta kemampuan adaptasi yang luar biasa terhadap lingkungan dan inang baru. Keberadaan spesies virus seperti *AYVV*, *TYLCKaV*, dan *PepYLCIV* di berbagai komoditas strategis seperti pepaya, terung, tomat, dan cabai menandakan perluasan ekologi dan meningkatnya risiko epidemi. Penyebaran virus diperparah oleh praktik budidaya yang kurang bijak, lemahnya sistem deteksi dini, serta potensi penularan melalui benih (*seedborne transmission*). Oleh karena itu, diperlukan pendekatan pengendalian yang menyeluruh dan berkelanjutan, meliputi penggunaan varietas tahan, pengelolaan vektor berbasis musuh alami dan teknologi agronomi, serta pemanfaatan inovasi seperti isolat virus lemah untuk perlindungan silang. Integrasi strategi ini sangat penting dalam menekan kerugian ekonomi, menjaga produktivitas tanaman, dan mendukung ketahanan pangan daerah.

Referensi

- Akin, H. M., Helina, S., Abbas, S., Nurdin, M., & Safitri, R. 2023. Biological and molecular characteristics of begomovirus mild strains and their elucidation for cross protection against eggplant begomovirus (*Solanum melongena* L.). *Pakistan Journal of Phytopathology*. 35(2).
- Anabestani, A., Behjatnia, S. A., Izadpanah, K., Tabein, S., & Accotto, G. P. 2017. Seed transmission of Beet curly top virus and Beet curly top Iran virus in a local cultivar of Petunia in Iran. *Viruses*. 9: 299. doi:10.3390/v9100299.
- Albrechtsen, S. E. 2006. *Testing methods for seed transmitted viruses: principles and protocols*. CABI Publishing, Oxfordshire. Hal. 1–26.
- Baker, K. F. 1972. Seed pathology. Dalam: Kozlowski, T. T. (Ed.). *Germination control. Metabolism and pathology*. Academic Press, New York. Hal. 317–416.
- Baker, K. F. 1972. Seed pathology—Concepts and methods of control. *Journal of Seed Technology*. 4(2): 57–67. <http://www.jstor.org/stable/23432736>.
- Barboza, N., Hernandez, E., Inoue-Nagata, A. K., Miriones, E., & Hilje, L. 2019. Achievements in the epidemiology of begomoviruses and their vector *Bemisia tabaci* in Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*. 67(3). <http://dx.doi.org/10.15517/rbt.v67i3.33457>.
- Bennet, C. W. 1969. Seed transmission of plant viruses. *Advances in Virus Research*. 14: 221–261. doi:10.1016/S0065-3527(08)60561-8.
- Butkovic, A., & Gonzalez, R. 2022. A brief view of factors that affect plant virus evolution. *Frontiers in Virology*. 2:994057. doi:10.3389/fviro.2022.994057.
- Byrne, D. N., & Houck, M. A. 1990. Morphometric identification of wing polymorphism in *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). *Annual Entomology Society America*. 83: 487–493.
- Bayhan, E., Ulusoy, M. R., & Brown, J. K. 2006. Host range, distribution and natural enemies of *Bemisia tabaci* B biotype (Homiptera: Aleyrodidae) in Turkey. *Journal of Pest Science*. 79: 233–240. doi:10.1007/s10340-006-0139-4.
- Bos, L. 1977. Seed-borne viruses. Dalam: Hewitt, W. B., & Chiarappa, L. (Ed.). *Plant health and quarantine in international transfer of genetic resources*. CRC Press, Cleveland. Hal. 36–39.
- Briddon, R. W., Patil, B. L., Bagewadi, B., Nawaz-ul-Rehman, M. S., & Fauquet, C. M. 2010. Distinct evolutionary histories of the DNA-A and DNA-B components of bipartite begomoviruses. *BMC Ecology and Evolution*. 10: 97–113.
- Briddon, R. W., & Stanley, J. 2006. Subviral agents associated with plant single-stranded DNA viruses. *Virology*. 344: 198–210.
- Carroll, T. W. 1981. Seedborne viruses: virus-host interactions. Dalam: Maramorosch, K., & Harris, K. F. (Ed.). *Plant diseases and vectors: ecology and epidemiology*. Academic Press, New York. Hal. 293–317.
- Czosnek, H., & Ghanim, M. 2012. Back to basics: Are begomoviruses whitefly pathogens? *Journal of Integrative Agriculture*. 11(2): 225–234.

- Devi, R. G., Jothika, C., Sankari, A., Lakshmi, S., Malathi, V. G., & Renukaevi, P. 2023. Seed transmission of begomoviruses: A potential threat for bitter melon cultivation. *Plants*. 12: 1396. doi:10.3390/plants12061396.
- Dhillon, N. P. S., Srimat, S., Laenoi, S., Bhunchoth, A., Phuangrat, B., Warin, N., Deeto, R., Chatchawankanphanich, O., Jom, K. N., Saetan, S., Jang, S.-W., Noh, H., Schafleitner, R., Chan, Y.-L., Picó, B., Sáez, C., & Kenyon, L. 2021. Resistance to three distinct begomovirus species in the agronomically superior tropical pumpkin line AVPU1426 developed at the World Vegetable Center. *Agronomy*. 11(1256): 1–11.
- Fan, Y. F., & Frederick, P. 1998. Dispersal of the broad mite, *Polyphagotarsonemus latus* (Acari: Tarsonemidae) on Bemisia tabaci (Homoptera: Aleyrodidae). *Experimental and Applied Acarology*. 22(7): 411–415.
- Fiallo-Olivé, E., Lett, J., Martin, D. P., Roumagnac, P., Varsani, A., Zerbini, F. M., & Navas-Castillo, J. 2021. ICTV virus taxonomy profile: Geminiviridae. *Journal of General Virology*. 102(12): 001696.
- Fiallo-Olivé, E., & Navas-Castillo, J. 2023. Begomoviruses: What is the secret(s) of their success? *Trends in Plant Science*. 28(6): 715–727. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2023.01.012>.
- Fitrian, U. A. 2019. Metode konstruksi genom PYLCV (Pepper Yellow Leaf Curl Virus) untuk seleksi tanaman cabai resisten virus. Tesis. Bandung: Institut Teknologi Bandung.
- Gangwar, R. K., & Gangwar, C. 2018. Lifecycle, distribution, nature of damage and economic importance of whitefly, *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Acta Scientific Agriculture*. 2: 36–39.
- Gerling, D., & Mayer, R. T. 1996. *Bemisia 1995: Taxonomy, biology, damage, control and management*. United Kingdom: Intercept. 702 hal.
- Ghosh, D., & Chakraborty, S. 2021. Molecular interplay between phytohormones and geminiviruses: A saga of a never-ending arms race. *Journal of Experimental Botany*. 72(8): 2903–2917. doi:10.1093/jxb/erab061.
- García-Arenal, F., & McDonald, B. A. 2003. An analysis of the durability of resistance to plant viruses. *Phytopathology*. 93: 941–952.
- Gray, S. M., & Banerjee, N. 1999. Mechanisms of arthropod transmission of plant and animal viruses. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 63(1): 128–148.
- Ha, C., Coombs, S., Revill, P., & Harding, R. 2008. Molecular characterization of begomoviruses and DNA satellites from Vietnam: Additional evidence that the New World geminiviruses were present in the Old World prior to continental separation. *Journal of General Virology*. 89: 312–326. doi:10.1099/vir.0.83236-0.
- Haq, Q. M. I., Jyothsna, P., Ali, A., & Malathi, V. G. 2011. Coat protein deletion mutation of Mungbean Yellow Mosaic India Virus (MYMIV). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*. 20: 182–189. <https://doi.org/10.1007/s13562-011-0044-7>.
- Helina, S., Aeny, T. N., & Ivayani. 2021. Simultaneous detection of virus infecting tobacco plant using multiplex-PCR in Klaten, Indonesia. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*. 15(19–20): 1838–1847.
- Helina, S., Akin, H. M., Nurdin, M., & Febrianti, E. 2022. Molecular detection and identification of begomoviruses infecting eggplant in Lampung Province, Indonesia. *Pakistan Journal of Phytopathology*. 34(2): 235–243.
- Helina, S., Akin, H. M., Pramono, S., Lestari, P., Nurdin, M., Afandi, A., & Dewi, L. 2024. First report of Ageratum yellow vein virus infecting papaya in Lampung, Indonesia. *Molecular Biology Reports*. 51(1): 119–128.
- Hidayat, S. H., Panich, O. C., & Aidawati, N. 2008. Molecular identification and sequence analysis of Tobacco Leaf Curl Begomovirus from Jember, East Java, Indonesia. *Hayati Journal of Biosciences*. 15(1): 13–17.
- Huang, Z., Ren, S., & Musa, P. D. 2008. Effects of temperature on development, survival, longevity, and fecundity of the *Bemisia tabaci* Gennadius (Homoptera: Aleyrodidae) predator, *Axinoscymnus cardilobus* (Coleoptera: Coccinellidae). *Biological Control*. 46: 209–215.
- Hull, R. 2009. *Comparative Plant Virology*. Academic Press, Norwich, UK.

- Kim, J., Kil, E. J., Kim, S., Seo, H., Byun, H. S., Park, J., Chung, M. N., Kwak, H. R., Kim, M. K., Kim, C. S., Yang, J. W., Lee, K. Y., Choi, H. S., & Lee, S. 2015. Seed transmission of Sweet Potato Leaf Curl Virus in sweet potato (*Ipomoea batatas*). *Plant Pathology*. 64: 1284–1291.
- Kil, E. J., Byun, H. S., Hwang, H., Lee, K. Y., Choi, H. S., Kim, C. S., & Lee, S. 2021. Tomato yellow leaf curl virus infection in a monocotyledonous weed (*Eleusine indica*). *Plant Pathol. J.* 37, 641–651. doi: 10.5423/PPJ.FT.11.2021.0162
- Koeda, S., Homma, K., Tanaka, Y., Kesumawati, E., Zakaria, S., & Kanzaki, S. 2017. Highly efficient agroinoculation method for tomato plants with Tomato Yellow Leaf Curl Kanchanaburi Virus. *Horticulture Journal*. 86: 479–486.
- Kothandaraman, S. V., Devadason, A., & Ganesan, M. V. 2016. Seed-borne nature of a begomovirus, mung bean yellow mosaic virus in black gram. *Applied Microbiology Biotechnology*. 100(4):1925–33.
- Kurniawan, H. A. 2007. Neraca kehidupan kutukebul *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae) biotipe-B dan non-B pada tanaman mentimun (*Curcumis sativus* L.) dan cabai (*Capsicum annuum* L.). Master Thesis. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Kumar, Y., Hallan, V., & Zaidi, A. A. 2008. Molecular characterization of a distinct bipartite begomovirus species infecting tomato in India. *Virus Genes*. 37: 425–31.
- Kenyon, L., Tsai, W., Shih, S., & Lee, L. 2014. Emergence and diversity of begomoviruses infecting solanaceous crops in East and Southeast Asia. *Virus Research*. 186: 104–13.
- Kil, E. J., Kim, S., Lee, Y. J., Byun, H. S., Park, J., Seo, H., Kim, C. S., Shim, J. K., Lee, J. H., Kim, J. K., Lee, K. Y., Choi, H. S., & Lee, S. 2016. Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV-IL): a seed-transmissible geminivirus in tomatoes. *Scientific Reports*. 6:19013:1–10. doi: 10.1038/srep19013.
- Kil, E. J., Park, J., Choi, E. Y., Byun, H. S., Lee, K. Y., An, C. G., Lee, J. H., Lee, G. S., Choi, H. S., Kim, C. S., & Kim, J. K. 2018. Seed transmission of tomato yellow leaf curl virus in sweet pepper (*Capsicum annuum*). *European Journal of Plant Pathology*. 150(3):759–64.
- Kil, E. J., Park, J., Choi, H. S., Kim, C. S., & Lee, S. 2017. Seed transmission of tomato yellow leaf curl virus in white soybean (*Glycine max*). *The Plant Pathology Journal*. 33(4):424.
- Kirithi, N., Maiya, S. P., Murthy, M. R. N., & Savitri, H. S. 2002. Evidence of recombination among the tomato leaf curl virus strains/species from Bangalore, India. *Archive Virology*. 147: 255–272.
- Lee, R. F., et al. 2013. Mild strain cross protection of tristeza: a review of research to protect against decline on sour orange in Florida. *Frontiers in Microbiology*. 4, 259. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00259PMC>
- Lefevre, P., & Moriones, E. 2015. Recombination as a motor of host switches and virus emergence: geminiviruses as case studies. *Current Opinion in Virology*. 10: 14–19.
- Legarrea, S., Barman, A., Diffie, S., & Srinivasan, R. 2020. Virus accumulation and whitefly performance modulate the role of alternate host species as inoculum sources of tomato yellow leaf curl virus. *Plant Disease*. 104. DOI:10.1094/PDIS-09-19-1853-RE.
- Manivannan, K., Renukadevi, P., Malathi, V. G., Karthikeyan, G., & Balakrishnan, N. A. 2019. New seed-transmissible begomovirus in bitter melon (*Momordica charantia* L.). *Microbial Pathogenesis*. 128: 82–89.
- Mauck, K., Bosque-Perez, N. A., Eigenbrode, S. D., De Moraes, C. M., & Mescher, M. C. 2012. Transmission mechanism shape pathogen effects on host-vector interaction: evidence from plant viruses. *Functional Ecology*. 26:1162–1175. doi:10.1111/j.1365-2435.2012.02026.x.
- Mansoor, S., Briddon, R. W., Bull, S. E., Bedford, I. D., Bashir, A., Hussain, M., Saeed, M., Zafar, Y., Malik, K. A., Fauquet, C. M., & Markham, P. G. 2003. Cotton leaf curl disease is associated with multiple monopartite begomoviruses supported by single DNA-β. *Archive Virology*. 148: 1969–1986.
- Mansoor, S., Briddon, R. W., Zafar, Y., & Stanley, J. 2003. Geminivirus disease complexes: an emerging threat. *Trends in Plant Science*. 8:128–34.
- Murgianto, F. 2017. Tingkat infestasi kutukebul *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) pada beberapa varietas kedelai di lapangan. Skripsi. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Morales, F. J., & Jones, P. G. 2004. The ecology and epidemiology of whitefly-transmitted viruses in Latin America. *Virus Research*. 100:57–65.
- Murugesan, S., & Chelliah, S. 1978. Effect of yellow mosaic infection of the host green gram on the biology of *Bemisia tabaci* (Genn.). *Entomon*. 3:41–43.
- Naranjo, S. E., Hanger, J. R., & Ellsworth, P. C. 2005. Improved conservation of natural enemies with selective management systems of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) in cotton. *Biocontrol Science Technology*. 13(6):571–587.
- Naranjo, S. E., & Ellsworth, P. C. 2005. Mortality dynamics and population regulation in *Bemisia tabaci*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*. 116:93–108.
- Noueiry, A. O., Lucas, W. J., & Gilbertson, R. L. 1994. Two proteins of a plant DNA virus coordinate nuclear and plasmodesmatal transport. *Cell*. 76:925–932.
- Padhi, G. K., Maity, L., Chattopadhyay, A., & Samanta, A. 2017. Population dynamics of whitefly (*Bemisia tabaci* Genn) in chilli and screening of genotypes against chilli leaf curl virus. *J Entomol Zool Stud*. 5(5):104–107.

- Prota, N. 2015. Study of drimane sesquiterpenoids from the *Persicaria* genus and zigerene from *Callitropsis noorkatensis* and their effect on the feeding behaviour of *Myzus persicae* and *Bemisia tabaci*. Thesis. Wageningen: Wageningen University.
- Purbosari, S. 2008. Neraca kehidupan kutukebul, *Bemisia tabaci* Genn. (Hemiptera: Aleyrodidae) pada suhu 23 °C, ruang, dan 29 °C. Skripsi. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Qiao, Q., Zhang, Z., Zhao, X., Wang, Y., Wang, S., Qin, Y., Zhang, D., Tian, Y., & Zhao, F. 2020. Evidence for seed transmission of sweet potato symptomless virus 1 in sweet potato (*Ipomoea batatas*). *Journal Plant Pathology*. 102:299–303. doi: 10.1007/s42161-019-00427-y.
- Regniere, J., Powell, J., Bentz, B., & Nealis, V. 2012. Effects of temperature on development, survival and reproduction of insects: experimental design, data analysis and modeling. *Journal of Insect Physiology*. 58:634–647.
- Rojas, M. R., Macedo, M. A., Maliano, M. R., Soto Aguilar, M., Souza, J. O., Briddon, R. W., Kenyon, L., Rivera Bustamante, R. F., Zerbini, F. M., Adkins, S., & Legg, J. P. 2018. World management of geminiviruses. *Annual Review of Phytopathology*. 56:637–677.
- Rosen, R., Kanakala, S., Kliot, A., Pakkianathan, B. C., Farich, B. A., Santana-Magal, N., Elimelech, M., Kontsedalov, S., Lebedev, G., Cilia, M., & Ghanim, M. 2015. Persistent, circulative transmission of begomoviruses by whitefly vectors. *Current Opinion in Virology*. 15:1–8. doi: 10.1016/j.coviro.2015.06.008.
- Roumagnac, P., Lett, J. M., Fiallo-Olivé, E., et al. 2022. Establishment of five new genera in the family *Geminiviridae*: Citlodavirus, Maldovirus, Mulcrilevirus, Opunvirus, and Topilevirus. *Archives of Virology*. 167:695–710. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05309-2>
- Roumagnac, P., Granier, M., Bernardo, P., Deshoux, M., Ferdinand, R., Galzi, S., Fernandez, E., Julian, C., Abt, I., Filloux, D., Mesléard, F., Varsani, A., Blanc, S., Martin, D. P., & Peterschmitt, M. 2015. Alfalfa leaf curl virus: an aphid-transmitted geminivirus. *Journal of Virology*. 89:9683–9688.
- Sangeethaa, B., Malathi, V. G., Alicea, D., Suganthi, B., & Renukadevi, P. 2018. A distinct seed-transmissible strain of tomato leaf curl New Delhi virus infecting chayote plants in India. *Virus Research*. 258:81–91. doi: 10.1016/j.virusres.2018.10.009.
- Saxena, S., & Tiwari, A. K. 2017. Begomoviruses: occurrence and management in Asia and Africa. In: Springer. doi: 10.1007/978-981-10-5984-1.
- Sarwar, M., Shad, N. A., & Batool, R. 2020. Integrated management of vectored viral diseases of plants. In L. P. Awasthi (Ed.), *Applied Plant Virology: Advances, Detection, and Antiviral Strategies* (pp. 707–724). Academic Press.
- Suruthi, V., Nakkeeran, S., Renukadevi, P., Malathi, V. G., & Rajasree, V. 2018. Evidence of seed transmission of dolichos yellow mosaic virus, a begomovirus infecting lablab-bean in India. *Virus Disease*. 29:506–512.
- Tan, P. H. N., Wong, S. M., Wu, M., Bedford, I. D., Saunders, K., & Stanley, J. 1995. Genome organization of ageratum yellow vein virus, a monopartite whitefly-transmitted geminivirus isolated from a common weed. *Journal of General Virology*. 76:2915–2922.
- Trisno, J., Hidayat, S. H., Habazar, T., Manti, I., & Jamsari. 2009. Detection and sequence diversity of begomovirus associated with yellow leaf curl disease of pepper (*Capsicum annum*) in West Sumatra, Indonesia. *Microbiology Indonesia*. 3(2):56–61.
- Venkataravanappa, V., Reddy, C. N. L., Swaranalatha, P., Jalali, S., Briddon, R. W., & Reddy, M. K. 2011. Diversity and phylogeography of begomovirus-associated beta satellites of okra in India. *Virology Journal*. 8:555.
- Varma, A., & Singh, M. K. 2024. The role of satellites in the evolution of begomoviruses. *Viruses*. 16(6):970. <https://doi.org/10.3390/v16060970>
- Widodo, C. J., Taufik, M., Khaeruni, A., & Mallarangeng, R. 2023. Determination of begomovirus on chili plants (*Capsicum* sp.) in Buton and Muna Islands, Southeast Sulawesi, Indonesia. *Biodiversitas*. 24(2):741–751. doi: 10.13057/biodiv/d240209
- Xavier, C. A. D., Nogueira, A. M., Bello, V. H., Watanabe, L. F. M., Barbosa, T. M. C., Júnior, M. A., Barbosa, L., Beserra-Júnior, J. E. A., Boari, A., Calegario, R., Gorayeb, E. S., Júnior, J. H., Koch, G., Lima, G. S. A., Lopes, C., Mello, R. N., Pantoja, K., Silva, F. N., Sobrinho, R. R., Santana, E. N., Silva, J. W. P., Krause-Sakate, R., & Zerbini, F. M. 2021. Assessing the diversity of whiteflies infesting cassava in Brazil. *PeerJ*. doi: 10.7717/peerj.11741. PMID: 34316398; PMCID: PMC8286705.
- Yadava, P., Suyal, G., & Mukherjee, S. K. 2010. Begomovirus DNA replication and pathogenicity. *Current Science*. 98(3):360–368.
- Zaini, M. R., Fauziah, I., Khalid, F., Shaari, M. S. B., & Jamaludin, M. 2009. Population ecology of whitefly, *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) on brinjal. *Journal of Agricultural Science*. 1(1):27–32. doi:10.5539/jas.v1n1p27.