



## Identitas genetik *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) dari daerah endemik penyakit kuning cabai di Indonesia bagian barat berdasarkan fragmen mitokondria sitokrom oksidase I (*mtCOI*)

Genetic identity of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) from endemic area of pepper yellow leaf curl Indonesia virus based on mitochondrial cytochrome oxidase I fragment (*mtCOI*)

Sat Rahayuwati<sup>1</sup>, Sri Hendrastuti Hidayat<sup>2</sup>, Purnama Hidayat<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Fakultas Agro Teknologi, Universitas Prima Indonesia  
Kampus III UNPRI, Jalan Danau Singkarak Gg. Madrasah Lk. II Kel. Sei Agul,  
Kecamatan Medan Barat, Medan 20117

<sup>2</sup>Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor  
Jalan Kamper, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680

(diterima Mei 2016, disetujui November 2016)

### ABSTRAK

*Bemisia tabaci* (Gennadius) dikenal mempunyai variasi genetik tinggi dan merupakan hama penting pada tanaman hortikultura sekaligus sebagai vektor *Geminivirus*. Penyakit kuning pada cabai yang disebabkan oleh *Geminivirus* dan ditularkan oleh *B. tabaci* menjadi masalah penting di Indonesia mengingat kerugian yang ditimbulkan dapat mencapai 100%. Informasi mengenai genetik *B. tabaci* yang berasosiasi dengan penyakit kuning cabai di Indonesia masih sedikit. Untuk itu, perlu dilakukan penelitian untuk mengetahui identitas genetik *B. tabaci*. Penelitian bertujuan mengetahui identitas genetik *B. tabaci* yang diperoleh dari daerah endemik penyakit kuning cabai di Indonesia bagian barat. Kegiatan penelitian yang dilakukan meliputi 1) pengambilan sampel *B. tabaci* dari daerah endemik penyakit kuning cabai di Indonesia bagian barat; 2) ekstraksi DNA total satu individu *B. tabaci* dari hasil pengambilan sampel; 3) amplifikasi fragmen gen mitokondria sitokrom oksidase I (*mtCOI*) dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR); 4) peruntukan DNA fragmen gen *mtCOI*; 5) analisis filogenetika fragmen gen *mtCOI* hasil ekstraksi, dibandingkan dengan fragmen gen *mtCOI* yang sudah didepositkan di gen bank *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Hasil analisis filogenetika menggunakan fragmen gen *mtCOI* diperoleh hasil bahwa sampel *B. tabaci* yang berasal dari daerah endemik penyakit kuning cabai di Indonesia Bagian Barat berada dalam satu golongan, yaitu kelompok wilayah Asia I. Identitas genetik *B. tabaci* dari daerah endemik cabai di Indonesia bagian barat tidak bervariasi dengan ditandai kladogram yang politomi.

**Kata kunci:** *Bemisia tabaci*, biotipe non B, kelompok Asia I, *mtCOI*, vektor *Geminivirus*

### ABSTRACT

*Bemisia tabaci* (Gennadius) is an important horticulture pest and is known to be a vector of *Geminivirus*. Pepper yellow leaf curl Indonesia virus (PYLCIV) is caused by *Geminivirus*, known to be transmitted by *B. tabaci*. It became an important disease in pepper and could cause 100% yield loss. Currently there is limited information concerning the genetics of *B. tabaci* associated with *Geminivirus* in Indonesia. It is therefore important to investigate the genetic identity of *B.*

\*Penulis korespondensi: Purnama Hidayat, Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor  
Jalan Kamper, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680, Tel/Faks: 0251-8629364, Email: [purnamahidayat@gmail.com](mailto:purnamahidayat@gmail.com).

*tabaci* across different population. The aim of this research was to investigate the genetic identity of *B. tabaci* that were collected from pepper yellow leaf curl endemic area in the western part of Indonesia. Research activities include 1) sample collection of *B. tabaci* from pepper yellow leaf curl endemic area in west Indonesia; 2) single extraction of *B. tabaci* total DNA; 3) amplification of mitochondrial Cytochrome Oxidase I gene (*mtCOI*) fragmen with polymerase chain reaction (PCR); 4) *mtCOI* sekuensing 5) phylogenetic analysis of *mtCOI* fragmens from west Indonesian PYLCIV compared with some *B. tabaci mtCOI* deposited in National Center for Biotechnology Information (NCBI). Based on *mtCOI* fragment analysis, *B. tabaci* from PYLCIV endemic area were in one group belong to Asia I clusters. Genetic identity of *B. tabaci* from endemic area in Western Part of Indonesia were similar with polyatomic cladogram.

**Key words:** Asia I cluster, *Bemisia tabaci*, *Geminivirus* vectors, *mtCOI*, non B biotype

## PENDAHULUAN

*Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) dideskripsikan oleh Gennadius tahun 1889 dan dilaporkan sebagai hama tanaman tembakau (Oliveira et al. 2001). Hama ini tidak menjadi perhatian sampai dengan pertengahan tahun 1980-an. Brown (1994) melaporkan adanya penyakit terutama *Geminivirus* yang dibawa oleh vektor *B. tabaci* menjadi pembatas produktifitas berbagai tanaman baik di tropis dan subtropis. *B. tabaci* dapat berperan sebagai hama langsung dan vektor *Geminivirus* (Genus *Begomovirus*, Famili Geminiviridae), tetapi peran *B. tabaci* sebagai vektor lebih merugikan (Brown & Bird 1992). Penelitian lebih lanjut menunjukkan bahwa beberapa populasi *B. tabaci* di Amerika Serikat mempunyai kemampuan berbeda dalam menularkan *Geminivirus*.

Costa & Brown (1991) membandingkan pola esterese terhadap dua populasi yang berbeda kemampuannya dalam menularkan *Geminivirus* tersebut. Pola esterese dari populasi asli Amerika dinamakan sebagai biotipe A, sedangkan populasi *B. tabaci* sebagai pendatang baru dinamakan biotipe B mempunyai pola esterese yang berbeda dengan populasi asli Amerika. Biotipe B dilaporkan mampu menggeser kelimpahan populasi asli, memiliki kisaran inang lebih luas, keperidian tinggi, lebih resisten terhadap insektisida, dan lebih efektif menularkan *Geminivirus* sehingga dilaporkan lebih merugikan. Berdasarkan pola esterese tersebut lalu muncul berbagai jenis biotipe baru yang tersebar di seluruh dunia misalnya A, B, B2, C, D, E, G, H, K, J, L, M, Q, T, TC, MS. Masing-masing biotipe ini ada yang bersifat spesifik lokasi ada yang mempunyai kemampuan

menyebar lintas wilayah bahkan benua (De Barro et al 2011).

Analisis Frohlich et al. (1999) menggunakan fragmen *mtCOI* menyimpulkan bahwa biotipe B masuk ke benua Amerika dari wilayah antara Israel dan Yaman. Aktivitas *B. tabaci* biotipe B ini juga dilaporkan menimbulkan kerugian di Turki dan menggeser keberadaan biotipe asli TC (Bayhan et al. 2006). Rekha et al. (2005) melaporkan adanya penyebaran biotipe B di India Selatan dan mulai menggeser keberadaan populasi asli. Menyebarnya biotipe B juga dilaporkan di Argentina, Uganda, Pakistan, dan Cina (Viscarret et al. 2003; Simon et al. 2003; Zhang et al. 2005).

Selain biotipe A dan B, biotipe lain yang teridentifikasi di Amerika adalah biotipe Q yang diduga menginvasi Amerika dari wilayah Mediterania (Spanyol, Portugal, dan Itali) (Shatters et al. 2006). Biotipe Q tersebut dilaporkan lebih merugikan dibandingkan dengan biotipe B (CDFA 2005). Saat ini, biotipe Q dilaporkan sudah menyebar ke wilayah Israel, Cina, dan Jepang. De Barro et al. (2008) menyimpulkan *B. tabaci* biotipe B dan Q merupakan biotipe invasif dan menjadi vektor efektif *Geminivirus* yang saat ini tersebar luas melalui perdagangan tanaman hias.

Variasi genetik *B. tabaci* di Indonesia sudah diteliti sebelumnya oleh Hidayat et al. (2008). Biotipe B sudah ditemukan pada tanaman brokoli di Jawa Barat. Peranan *B. tabaci* sebagai vektor *Geminivirus* menjadi sangat penting karena kerusakan yang disebabkan oleh infeksi virus tersebut pada cabai dilaporkan menjadi masalah serius. Rahayu (2004) melaporkan kejadian penyakit hingga 100% akibat penyakit kuning pada cabai di Yogyakarta dan Magelang. Sudiono et al. (2005) melaporkan kejadian penyakit 0–100% di

Lampung, 20–60% di Sumatera Selatan, 0–40% di Bengkulu, 0–5% di Jambi, 0–5% di Sumatera Barat, dan 0–80% di Sumatera Utara. Penyebab penyakit kuning pada cabai diidentifikasi sebagai *pepper yellow leaf curl Indonesia virus* (PYLCIV) yang termasuk dalam genus *Begomovirus* (Hidayat et al. 2006).

Melihat tingginya angka kejadian penyakit kuning cabai, untuk itu peranan *B. tabaci* sebagai vektor *Geminivirus* khususnya di daerah endemik penyakit PYLCIV di Indonesia Bagian Barat perlu diteliti lebih banyak lagi. Penelitian dilakukan untuk memperoleh informasi identitas genetik *B. tabaci* yang dijumpai di beberapa wilayah endemik penyakit kuning cabai di Indonesia Bagian Barat.

## BAHAN DAN METODE

### Pengambilan sampel kutukebul dari daerah endemik penyakit kuning cabai

Daerah pengambilan sampel, meliputi Sumatera Barat (Pesisir Selatan, Agam, Tanah Datar); Jawa Barat (Cianjur, Bogor); Jawa Tengah (Rembang, Brebes, Magelang); Daerah Istimewa Yogyakarta (Bantul); Jawa Timur (Malang, Kediri); Bali (Tabanan, Badung); dan Kalimantan Selatan (Hulu Sungai Selatan, Banjar Baru, Tanah Laut). Pengambilan sampel dilakukan dari Agustus 2007 hingga Desember 2008.

Jenis sampel kutukebul yang diambil dari tanaman cabai dan pertanaman di sekitarnya adalah puparium, kantung puparium, dan imago. Puparium dan kantung puparium kutukebul digunakan untuk identifikasi spesies, sedangkan imago digunakan untuk ekstraksi DNA total. Setelah sampai di laboratorium, puparium dan kantung puparium diambil dari daun lalu disimpan dalam alkohol 80%, sedangkan imago disimpan kering dalam -20 °C.

### Ekstraksi DNA total *B. tabaci*

Ekstraksi DNA total *B. tabaci*, amplifikasi fragmen *mtCOI* dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR) dilakukan di Laboratorium Virologi, Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor. Ekstraksi DNA total diperoleh dari satu individu imago atau satu individu puparium berdasarkan metode Frohlich

et al (1999). *B. tabaci* ditempatkan dalam tabung mikro yang berisi 60 µl bufer ekstraksi bersuhu 4 °C (5 mM Tris-HCl pH 8; 0,5 mM EDTA; 0,5% Nonidet P-40; 1 mg/ml proteinase K). Imago digerus dengan pistil mikro plastik, kemudian berturut-turut diinkubasi 65 °C selama 15 menit dan 95 °C selama 10 menit. Tabung mikro disentrifugasi 11500 rpm selama 2 menit, kemudian supernatan dipindahkan ke tabung mikro baru. Supernatan ini selanjutnya digunakan sebagai *templat* untuk reaksi PCR.

### Amplifikasi fragmen *mtCOI* menggunakan metode PCR

Amplifikasi dilakukan untuk mendapatkan dan memperbanyak jumlah fragmen *mtCOI*. Primer PCR yang digunakan adalah pasangan primer *forward* C1-J-2195 (5'-TTGATTTTTTG GTCATCCAGAAGT-3'), dan primer *reverse* L2-N-3014 (5'-TCCAATGCACTAATC TGCCATATTA-3'). Proses amplifikasi dilakukan menggunakan *thermocycler* GeneAmp PCR System 9700, sebanyak 30 siklus, seperti dijelaskan oleh Simon et al. (1994) dan Frohlich et al. (1999). Hasil amplifikasi berupa fragmen DNA *mtCOI* dideteksi dengan elektroforesis dalam gel agarosa 1%, marker yang digunakan 1 kb DNA ladder, selanjutnya digunakan sebagai bahan perunutan (sekuensing) nukleotida.

### Perunutan nukleotida

Purifikasi fragmen DNA dan perunutan nukleotida *mtCOI* dilakukan di Macrogen, Korea Selatan. Primer yang digunakan *forward* C1-J-2195 dan *reverse* L2-N-3014 (Frohlich et al. 1999). Hasil perunutan fragmen *mtCOI* sampel dari daerah endemik PYLCIV dari Indonesia bagian barat tersebut kemudian didaftarkan di bank gen NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

### Analisis data runutan DNA *mtCOI*

Program ChromasPro digunakan untuk menggabungkan runutan nukleotida *forward* dan *reverse* sehingga didapatkan gen *mtCOI* (ChromasPro version 2.01. 2006) Program Bioedit digunakan untuk membandingkan fragmen *mtCOI* antar sampel (*Multiple alignment*) (Hall 1999).

Hubungan kekerabatan (filogenetika) dibangun dengan membandingkan fragmen sampel *mtCOI*

dari *B. tabaci* asal Indonesia bagian barat dengan fragmen *mtCOI* yang sudah disimpan sebelumnya di GenBank NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Kriteria pengambilan fragmen *mtCOI* di GenBank, yaitu fragmen dengan panjang basa nukleotida  $\pm 800$  pb (Boykin et al. 2007; Dinsdale et al. 2010) (Tabel 1). Pohon filogenetika tersebut dibangun dengan menggunakan program PAUP 4.0b10 (Swofford 2002) dengan metode kuantitatif kladistik maksimum parsimoni. Kladogram disusun menggunakan metode Heuristic. Kladogram yang dipakai merupakan hasil *strick concensuss* dengan uji statistik *bootstrap* hingga didapatkan 100% kemungkinan.

## HASIL

### Amplifikasi PCR *mtCOI*

Metode Frohlich et al. (1999) berhasil digunakan untuk mendapatkan DNA total dengan konsentrasi cukup baik ( $>50$  ng/ml). Pita *mtCOI* hanya berhasil diamplifikasi dari hasil ekstraksi DNA total satu imago dan tidak berhasil dari satu puparium. Walaupun demikian, tingkat keberhasilan metode Frohlich et al. (1999) hanya berkisar 27,3%. Ukuran fragmen *mtCOI* yang berhasil teramplifikasi sesuai dengan hasil yang diperoleh Frohlich et al. (1999), yaitu  $\pm 800$  pb.

### Peruntan dan analisis nukleotida *mtCOI*

Empat belas sampel *B. tabaci* dari daerah endemik penyakit kuning di Indonesia Bagian Barat berhasil didapatkan runutan fragmen *mtCOI* (Tabel 1). Posisi relatif fragmen *mtCOI* sampel terhadap genom utuh mitokondria *B. tabaci* adalah pada basa ke 725–1550. Analisis fragmen *mtCOI* menunjukkan bahwa sampel *B. tabaci* yang dikumpulkan dari penelitian ini tidak termasuk dalam kelompok biotipe invasif B atau Q (Gambar 1). Antar biotipe *B. tabaci* membentuk satu kelompok, dimana biotipe invasif B dan Q lebih dekat kekerabatannya dibandingkan dengan biotipe non B. Sampel berasal dari Indonesia Bagian Barat merupakan biotipe non B dan membentuk kelompok tersendiri dengan dukungan nilai *bootstrap* menengah (65%). Nilai *bootstrap* pengelompokan ini dapat dinaikkan dengan dilakukan pengambilan sampel lebih banyak

dan lokasi pengambilan lebih luas. Sampel asal Indonesia juga mempunyai genotipe yang mirip dengan fragmen *mtCOI* asal Bangladesh dan India dengan dukungan nilai *bootstrap* kuat (100%).

Sampel Indonesia tidak membentuk kelompok tersendiri menurut pulau, akan tetapi membentuk kladogram politomi (Gambar 1). Kladogram politomi ini menunjukkan bahwa *B. tabaci* antar pulau (Sumatera, Jawa, Bali, dan Kalimantan) yang diamati mempunyai asal keturunan sama, dengan dukungan nilai *bootstrap* menengah 65%.

## PEMBAHASAN

*B. tabaci* merupakan kompleks spesies dengan keragaman genetik di dalam spesies tersebut sangat tinggi, tetapi secara morfologi tidak dapat dibedakan (Oliveira et al 2001; De Barro 2005; De Barro et al. 2011). Analisis genetik *B. tabaci* menggunakan sekuen *mtCOI* tergambar jelas adanya pengelompokan berdasarkan sebaran geografi. Menurut De Barro et al. (2011) wilayah pengelompokan genetik *B. tabaci*, meliputi Asia, Australia, Amerika, Afrika Sub Sahara, dan Afrika Utara-Timur Tengah-Asia Minor-daerah Mediterania. Analisis *mtCOI* *B. tabaci* yang dilakukan pada tahun sebelumnya juga menunjukkan adanya kecenderungan sama, seperti diutarakan De Barro et al. (2011). Brown & Idris (2005) menunjukkan terdapat empat pengelompokan filogeografi, yaitu Amerika-Karibia, Mediterania -Afrika Utara-Timur Tengah, Sub Sahara Afrika, Asia-Australia. Boykin et al. (2007) membuat analisis filogenetika *B. tabaci* sehingga dihasilkan 12 wilayah pengelompokan, yaitu Asia I, Australia, Asia II, China, Italia, Dunia Baru, Afrika Sub Sahara I, Afrika Sub Sahara II, Uganda, Mediterania-Asia Minor-Afrika, Mediterania, Indian Ocean. Kajian yang dilakukan Dinsdale et al. (2010) dihasilkan 24 pengelompokan genetik *B. tabaci* berdasarkan sebaran geografi yang juga digagas sebagai 24 spesies berbeda *B. tabaci*.

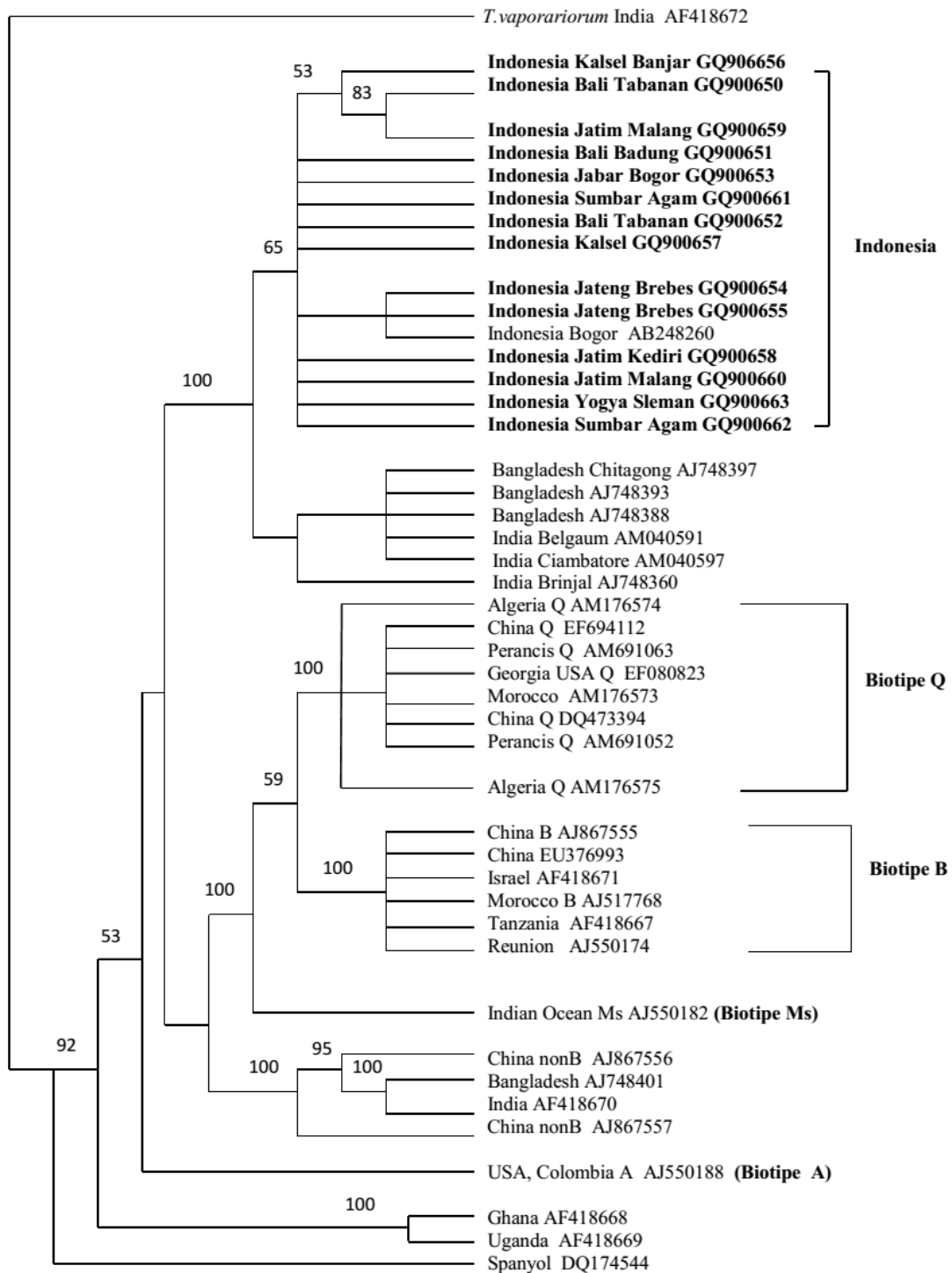
Boykin et al. (2007) dan Dinsdale et al. (2010) menyatakan bahwa kelompok Asia I meliputi wilayah Indonesia, Malaysia, Singapura, Thailand, Pakistan, India, dan China. Hasil analisis tersebut menggunakan filogenetika berdasar

**Tabel 1.** Daftar runutan nukleotida yang digunakan untuk pembuatan kladogram fragmen *mtCOI Bemisia tabaci* asal Indonesia bagian barat dibandingkan dengan fragmen *mtCOI* dari beberapa wilayah di dunia yang sudah didepositkan di GenBank NCBI (Gambar 1)

Outgroup dan biotipe <i>B. tabaci</i>	Lokasi geografi	Tanaman inang	Nomor akses di GenBank	Panjang fragmen <i>mtCOI</i> (pb)
<i>Trialeurodes vaporariorum</i> (outgroup)	India	<i>Phyllanthus emblica</i>	AF418672	816
	<i>mtCOI</i> Indonesia			
<b>Non B<sup>1)</sup></b>	<b>Indonesia, Kalimantan Selatan, Bajar Baru,</b>	<b><i>Solenum lycopersicum</i></b>	<b>GQ906656</b>	<b>835</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Bali, Tabanan</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900650</b>	<b>817</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jawa Timur, Malang</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900659</b>	<b>819</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Bali, Badung</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900651</b>	<b>816</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jabar, Bogor</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900653</b>	<b>817</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Sumatera Barat, Agam</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900661</b>	<b>818</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Bali, Tabanan</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900652</b>	<b>817</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Kalimantan Selatan, Hulu Sungai selatan</b>	<b><i>Cucumis sativus</i></b>	<b>GQ900657</b>	<b>819</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jawa Tengah, Brebes</b>	<b><i>Arachis hypogaea</i></b>	<b>GQ900654</b>	<b>819</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jawa Tengah, Brebes</b>	<b><i>Solanum melongena</i></b>	<b>GQ900655</b>	<b>817</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jawa Timur, Kediri</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900658</b>	<b>817</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Jawa Timur, Malang</b>	<b><i>Cucumis melo</i></b>	<b>GQ900660</b>	<b>818</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Yogyakarta, Sleman</b>	<b><i>Capsicum annum</i></b>	<b>GQ900663</b>	<b>793</b>
<b>Non B</b>	<b>Indonesia, Sumatera Barat, Agam</b>	<b><i>Solanum melongena</i></b>	<b>GQ900662</b>	<b>847</b>
Non B	Indonesia, Bogor	<i>Glycine max</i>	AB248260	790
	<i>mtCOI</i> non Indonesia			
Non B	Bangladesh, Chitagong	- <sup>2)</sup>	AJ748397	804
Non B	Bangladesh	-	AJ748393	804
Non B	Bangladesh	-	AJ748388	804
Non B	India, Belgaum	-	AM040591	804
Non B	India, Ciambatore	-	AM040597	804
Non B	India	<i>Brinjal</i>	AJ748360	804
Q	Algeria	-	AM176574	815
Q	China	<i>Cucumber</i>	EF694112	815
Q	Perancis	<i>Gerbera crocea</i>	AM691063	815
Q	USA, Georgia	<i>Ornamental</i>	EF080823	814
Q	Maroko	<i>Lycopersicon esculentum</i>	AM176573	815
Q	China	<i>Cucumber</i>	DQ473394	815
Q	Perancis	<i>Hibiscus rosa-sinensis</i>	AM691052	815
Q	Algeria	-	AM176575	815
B	China	-	AJ867555	815
B	China	-	EU376993	815
B	Israel	-	AF418671	815
B	Maroko	-	AJ517768	815
B	Tanzania	<i>Cassava</i>	AF418667	815
B	Perancis, Reunion	<i>Gossypium sp.</i>	AJ550174	814
Ms	Samudra Hindia	-	AJ550182	815
Non B	China	<i>Gossypium hirsutum</i>	AJ867556	815
Non B	Bangladesh	-	AJ748401	804
Non B	India	<i>Cassava</i>	AF418670	815
Non B	China	<i>Ipomoea batatas</i>	AJ867557	815
A	USA, Colombia	<i>Chromolaena odorata</i>	AJ550188	815
Non B	Ghana	-	AF418668	815
Non B	Uganda	<i>Cassava</i>	AF418669	815
Non B	Spainyol	<i>Lycopersicon esculentum</i>	DQ174544	877

<sup>1)</sup>Nama sampel *B. tabaci* yang dicetak dengan huruf tebal merupakan sampel dalam penelitian ini;

<sup>2)</sup>Sumber tidak mencantumkan tanaman inang



**Gambar 1.** Kladogram fragmen *mtCOI* *Bemisia tabaci* asal Indonesia bagian barat (Sumbar, Jabar, Jateng, DIY, Jatim, Bali, Kalsel) dibandingkan dengan fragmen *mtCOI* dari beberapa wilayah di dunia yang sudah didepositkan di laman NCBI. *Trialeurodes vaporariorum* dengan nomor aksesori AF418672 digunakan sebagai *outgroup*. Angka pada percabangan kladogram menunjukkan nilai *bootstrap* dengan 100% kemungkinan. Nama sampel *B. tabaci* yang dicetak dengan huruf tebal merupakan sampel dalam penelitian ini.

fragmen gen *mtCOI*. Sampel asal Indonesia yang digunakan Boykin et al. (2007) dan Dinsdale et al. (2010) tersebut bernomor aksesori AB248260 juga digunakan untuk membangun pohon filogenetika dalam penelitian ini. Fragmen *mtCOI* AB248260 tersebut mempunyai panjang 804 pb (Aidawati 2006; Hidayat et al. 2008), diambil dari tanaman kedelai di Dramaga Bogor Jawa Barat menjadi satu kelompok dengan sampel dari Agam Sumatera Barat, Jawa Barat Bogor, Jawa Tengah Brebes, Yogyakarta Sleman, Jawa Timur Kediri, Jawa Timur Malang, Bali Tabanan, Bali Badung, Kalimantan Selatan Banjar Baru. Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa sampel Indonesia yang diamati dalam penelitian ini termasuk dalam biotipe non B kelompok filogeografi Asia I. Penelitian yang dilakukan oleh Firdaus et al. (2012) menggunakan 28 titik pengambilan sampel meliputi Sumatera Barat, Jawa Barat, Jawa Tengah, Kalimantan Barat, dan Sulawesi Tengah juga mengelompok dalam satu grup Asia I.

Berdasarkan analisis fragmen *mtCOI* hanya ditemukan satu genotipe *B. tabaci*, yaitu biotipe non B yang masuk dalam filogeografi Asia I. Temuan ini juga didukung analisis Boykin et al. (2007); Dinsdale et al. (2010). Walaupun hanya ditemukan satu genotipe, tetapi kejadian penyakit kuning cabai di daerah endemik Indonesia bagian barat cukup tinggi dan secara ekonomi merugikan. Tanaman cabai yang terkena penyakit kuning mempunyai ciri daun menguning dan keriting; ukuran daun kerdil; bakal buah tidak berkembang; dan buah cabai tidak berkembang secara sempurna (Sulandari et al. 2001). Vos & Duriat (1995) menyebutkan cabai merupakan sumber pendapatan langsung petani kecil dengan luasan mencapai 155.000 hektar dengan jumlah petani sebanyak 500.000 orang. Tingginya kejadian penyakit kuning cabai di Indonesia sebelumnya diduga berkorelasi dengan keberadaan populasi *B. tabaci* biotipe B. Penelitian yang dilakukan oleh Hidayat et al. (2008) menemukan biotipe B untuk pertama kali di Indonesia, yaitu pada tanaman brokoli di daerah Bogor (nomor aksesori AB248265). Akan tetapi, pada penelitian ini biotipe B tidak ditemukan walaupun wilayah survei telah diperluas. Hidayat et al. (2008) menyatakan bahwa di Jawa Barat ditemukan 2 biotipe *B. tabaci*, yaitu biotipe B

yang diperoleh dari populasi tanaman brokoli dan biotipe non B dari populasi tanaman tomat, cabai, terung, mentimun, kacang kedelai, dan edamame. Hasil temuan Firdaus et al. (2012) dengan cakupan wilayah pengambilan sampel dari Sumatera, Jawa, Kalimantan, dan Sulawesi pun tidak menemukan adanya biotipe B. Diduga biotipe B yang sebelumnya sudah dijumpai di Bogor tersebut populasinya tidak berkembang, sedangkan biotipe Q diduga belum masuk ke Indonesia.

Tingginya kejadian penyakit kuning cabai di Indonesia bagian barat diduga akibat perubahan struktur genetik *B. tabaci*. Perubahan struktur genetik ini tidak teramati menggunakan analisis kladogram fragmen *mtCOI*. Perubahan struktur genetik ini dapat diamati menggunakan analisis pengelompokan Bayesian fragmen mikrosatelit (De Barro et al. 2008).

Analisis yang dilakukan oleh De Barro et al. (2008) menunjukkan adanya invasi yang melibatkan *B. tabaci* dari Asia Tenggara. Telah terjadi invasi dari Thailand ke Indonesia, yaitu ke pulau Sumatera, Jawa, dan Bali. Invasi *B. tabaci* tersebut juga berasosiasi dengan *Pepper yellow leaf curl virus* (PYLCV) yang diduga juga berasal dari Thailand. Alel dari *B. tabaci* asal Thailand berintegrasi dengan alel *B. tabaci* asli Indonesia. Pada kasus biotipe B di Amerika Serikat, populasi asli (biotipe A) berkurang diganti oleh populasi biotipe pendatang (biotipe B). Pada kasus di Indonesia invasi melibatkan individu dari kelompok genetik sama (Asia I), tidak terjadi penyingkiran populasi asli, tetapi material genetik pendatang bergabung dengan material genetik *B. tabaci* asli Indonesia. *B. tabaci* yang membawa alel dari Thailand ini diduga lebih efisien dan efektif dalam menyebarkan PYLCV sehingga dilaporkan kejadian penyakit kuning cabai hingga 100% (Sumardiyono et al. 2003; Rahayu 2004).

## KESIMPULAN

Peruntukan fragmen *mtCOI* berhasil mendapatkan urutan nukleotida dengan panjang  $\pm$  800 pb, dengan posisi relatif basa ke 725–1550 terhadap genom mitokondria *B. tabaci* dan telah disimpan di GenBank. Tidak terdapat variasi genetik fragmen *mtCOI* sampel *B. tabaci* yang

berasal dari daerah endemik penyakit PYLCIV. Berdasarkan fragmen *mtCOI* tersebut hanya dijumpai satu biotipe, yaitu biotipe non B yang berada dalam kelompok filogeografi Asia I.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Australian Centre for International Agricultural Research (ACIAR) sebagai penyandang dana. Penelitian ini salah satu kajian vektor *Geminivirus* dalam payung besar penelitian penyakit kuning cabai di Indonesia.

## DAFTAR PUSTAKA

- Aidawati N. 2006. *Variasi Begomovirus pada Tomat dan Serangga Vektornya, Bemisia tabaci (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae), serta Pengujian Ketahanan Genotipe Tomat terhadap strain Begomovirus*. Disertasi. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Bayhan E, Ulusoy MR, Brown JK. 2006. Host range, distribution and natural enemies of *Bemisia tabaci* B biotype (Hemiptera: Aleyrodidae) in Turkey. *Journal of Pest Science* 79:233–240. doi: <https://doi.org/10.1007/s10340-006-0139-4>.
- Boykin LM, Shatters Jr RG, Rosell RC, Mc Kenzie CL, Bagnall RA, De Barro P, Frohlich DR. 2007. Global relationships of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) revealed using Bayesian analysis of mitochondrial COI DNA sequences. *Molecular Phylogeny and Evolution* 44:1306–1319. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2007.04.020>.
- Brown JK, Bird J. 1992. Whitefly-transmitted geminiviruses in Americas and the Caribbean Basin. *Plant Diseases* 72:220–225. doi: <https://doi.org/10.1094/PD-76-0220>.
- Brown JK. 1994. Current status of *Bemisia tabaci* as a plant pest and virus vector in agro-ecosystem worldwide. *FAO Plant Protection Bulletin*. 42: 42:3–31.
- Brown JK, Idris AM. 2005. Genetic differentiation of whitefly *Bemisia tabaci* mitochondrial cytochrome oxidase I and phylogeographic concordance with the coat protein of the plant virus genus begomovirus. *Annals Entomological Society of America* 98:827–837. doi: [https://doi.org/10.1603/0013-8746\(2005\)098\[0827:GDOWBT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0013-8746(2005)098[0827:GDOWBT]2.0.CO;2).
- CDFA [California Department of Food and Agriculture]. 2005. *California Plant Pest & Disease Report*. Volume 22 Number 1. California: California Department of Food & Agriculture.
- Costa HS, Brown JK. 1991. Variation in biological characteristics and in esterase patterns among populations of *Bemisia tabaci* (Genn) and the association of one population with silverleaf symptom development. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 61:211–219. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1570-7458.1991.tb01553.x>.
- ChromasPro Version 2.0.1. 2006. Technelysium Pty Ltd, South Brisbane, Queensland, Australia. Tersedia di: <http://www.technelysium.com.au> [diakses Mei 2016].
- De Barro PJ. 2005. Genetic structure of the whitefly *Bemisia tabaci* in the Asia–Pacific region revealed using microsatellite markers. *Molecular Ecology* 14:3695–3718. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02700.x>.
- De Barro PJ, Hidayat SH, Frohlich D, Subandiyah S, Ueda S. 2008. A virus and its vector, pepper yellow leaf curl virus and *Bemisia tabaci*, two new invaders of Indonesia. *Biological Invasions* 10:411–433. doi: <https://doi.org/10.1007/s10530-007-9141-x>.
- De Barro PJ, Liu SS, Boykin LM, Dinsdale AB. 2011. *Bemisia tabaci*: a statement of species status. *Annual Review of Entomology* 56:1–19. doi: <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085504>.
- Dinsdale A, Cook L, Riginos C, Buckley YM, De Barro P. 2010. Refined global analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase I to identify species level genetic boundaries. *Annals of the Entomological Society of America* 103:196–208. doi: <https://doi.org/10.1603/AN09061>.
- Firdaus S, Vosman B, Hidayati N, Supena EDJ, Viser RGF, Van Heusden AW. 2012. The *Bemisia tabaci* species complex: additions from different part of the world. *Insect Science* 20:723–733. doi: <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12001>.
- Frohlich DR, Torres-Jerez I, Bedford ID, Markham PG, Brown JK. 1999. A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Molecular Ecology* 8:1883–1891. doi: <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00754.x>.



- Hall TA. 1999. BioEdit. A User friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acid Symposium Serie* 41:95–98.
- Hidayat P, Aidawati N, Hidayat SH, Sartiami D. 2008. Tanaman indikator dan teknik RAPD-PCR untuk penentuan biotipe *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan Tropika* 8:1–7.
- Hidayat SH, Chatchawankanpanich O, Rusli E, Aidawati N. 2006. *Begomovirus* associated with *Pepper yellow leaf curl disease* in West Java Indonesia. *Jurnal Mikrobiologi Indonesia* 11:87–90.
- Oliveira MRV, Henneberry TJ, Anderson P. 2001. History, current status, and collaborative research projects for *Bemisia tabaci*. *Crop Protection* 20:709–723. doi: [https://doi.org/10.1016/S0261-2194\(01\)00108-9](https://doi.org/10.1016/S0261-2194(01)00108-9).
- Rahayu STS. 2004. Understanding the flight activity for decision making in management of *Bemisia tabaci*. Tesis. Yogyakarta: Universitas Gadjah Mada.
- Rekha AR, Maruthi MN, Muniyappa V, Colvin J. 2005. Occurrence of three genotypic clusters of *Bemisia tabaci* and the rapid spread of the B biotype in south India. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 117:221–233. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1570-7458.2005.00352.x>.
- Shatters Jr. RG, Boykin LM, Bagnall RA, Rosell RC, Frochlich DR, Mc Kenzie CR. 2006. Population genetics of *Bemisia tabaci* biotype B and Q from the mediterranean and the US inferred using microsatellite markers. In: *Fourth International Bemisia Workshop International Whitefly Genomics Workshop (3–8 December 2006)*. Duck Key: USDA/ARS US Horticultural Research Laboratory, Fort Pierce, Florida.
- Simon B, Cenis JL, Beitia F, Khalid S, Moreno IM, Fraile A, Arenal FG. 2003. Genetic structure of field populations of Begomoviruses and of their vector *Bemisia tabaci* in Pakistan. *Phytopathology* 93:1422–1429. doi: <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2003.93.11.1422>.
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, Crespi B, Liu H, Flook P. 1994. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Entomological Society of America* 87:651–701. doi: <https://doi.org/10.1093/aesa/87.6.651>.
- Sudiono, Yasin N, Hidayat SH, Hidayat P. 2005. Penyebaran dan deteksi molekuler virus gemini penyebab penyakit kuning pada tanaman cabai di Sumatera. *Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan Tropika* 5:113–121.
- Sulandari S. 2004. Karakterisasi biologi, serologi dan analisis sidik jari DNA virus penyebab penyakit daun keriting kuning cabai. Disertasi. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Sulandari S, Suseno R, Hidayat SH, Harjosudarmo J, Sosromarsono S. 2001. Deteksi virus gemini pada cabai di Daerah Istimewa Yogyakarta. Di dalam: Purwantara A, Sitepu D, Mustika I, et al. (Eds.) *Prosiding Kongres Nasional XVI dan Seminar Ilmiah Perhimpunan Fitopatologi Indonesia: Jurusan HPT Faperta IPB (Bogor, 22–24 Agustus 2001)*. hlm. 200–202. Bogor: Perhimpunan Fitopatologi Indonesia.
- Sumardiyono YB, Sulandari S, Hartono S. 2003. Epidemi penyakit daun keriting kuning cabai. *Jurnal Perlindungan Tanaman Indonesia* 9:1–3.
- Swofford DL. 2002. PAUP preliminary beta-test version, version 4.0b10 [CD-ROM]. Massachusetts: Sinauer Associates.
- Thao ML, Baumann L, Baumann P. 2004. Organization of the mitochondrial genomes of whiteflies aphids and psyllids (Hemiptera: Sternorrhyncha). *Evolution Biology* 4:1–25.
- Viscarret MM, Torres-Jerez I, Agostini de Manero E, Lopez SN, Botto EE, Brown JK. 2003. Mitochondrial DNA evidence for a distinct new world group of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) lokal to Argentina and Bolivia, and presence of the old world B biotype in Argentina. *Entomological Society of America* 96:65–72. doi: [https://doi.org/10.1603/0013-8746\(2003\)096\[0065:MDEFAD\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0013-8746(2003)096[0065:MDEFAD]2.0.CO;2).
- Vos JGM, Duriat AS. 1995. Hot pepper (*Capsicum spp.*) production on Java, Indonesia: toward integrated crop management. *Crop Protection* 14:205–213. doi: [https://doi.org/10.1016/0261-2194\(95\)00013-C](https://doi.org/10.1016/0261-2194(95)00013-C).
- Zhang LP, Zhang YJ, Zhang WJ, Wu QJ, Xu BY, Chu D. 2005. Analysis of genetic diversity among different geographical populations and determination of biotypes of *Bemisia tabaci* in China. *Journal of Applied Entomology* 129:121–128. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0418.2005.00950.x>.