Agroekotek View
Jurnal Penelitian Pertanian Agroekoteknologi
Vol. 8 Issue 3, November 2025
E-ISSN: 2715-4815

Potensi Masuknya Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) ke Indonesia

The Potential Introduction of Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) into Indonesia

Faridawati Junjung Nindhiani*, Yulia Padma Sari, Nurin Nisa Farah Diena, Antar Sofyan

Program Studi Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Lambung Mangkurat, Indonesia.

**Corresponding author's email: faridawatijunjung@ulm.ac.id*

Received: 12 September 2025; Revised: 8 Oktober 2025; Approved: 15 November 2025

How to Cite: Nindhiani, F. J., Sari, Y.P., Diena, N.N.F., & Sofyan, A. (2025). Potensi Masuknya Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV). *Agroekotek View*, Vol. 8 (No. 3), halaman 64-69.

ABSTRACT

Barley yellow dwarf virus (BYDV) merupakan salah satu virus paling merusak pada tanaman serealia, dengan potensi kehilangan hasil mencapai 86% pada komoditas penting seperti gandum, barli, oat, jagung, dan padi. Di berbagai negara beriklim sedang, termasuk Amerika Serikat, Cina, dan wilayah Eropa, BYDV telah menyebabkan epidemi dengan tingkat kerugian tinggi. Virus ini masih dikategorikan sebagai Organisme Pengganggu Tumbuhan Karantina (OPTK) A1 di Indonesia, namun potensi masuk dan kemunculannya tetap perlu diwaspadai mengingat tingginya keragaman genetika BYDV, mobilitas vektor, dan kondisi agroekologi tropis yang mendukung populasi aphid sepanjang tahun. BYDV ditularkan oleh vektor aphids seperti Rhopalosiphum padi, Sitobion avenae, dan R. maidis. Laporan infeksi BYDV di Pakistan, Taiwan, dan Cina mengonfirmasi tingginya insidensi dan tingkat keparahan gejala seperti klorosis, pengerdilan, serta perubahan warna daun. Kemiripan sekuens isolat antarnegara turut mengindikasikan peran migrasi jarak jauh aphid dalam penyebaran BYDV lintas wilayah geografis. Kombinasi faktor-faktor tersebut memperlihatkan bahwa kemungkinan keberadaan BYDV di Indonesia tidak dapat diabaikan, terlebih gejala yang mirip dengan defisiensi nutrisi sering menghambat deteksi dini di lapangan. Kajian mengenai potensi masuknya BYDV menjadi penting untuk mendeteksi dini dan meminimalkan risiko masuk dan menyebar di Indonesia.

Copyright © 2025 Agroekotek View. All rights reserved.

Keywords:
virus; serealia; genetik; aphids

Pendahuluan

Barley yellow dwarf virus (BYDV) merupakan virus paling merusak pada tanaman serealia. Virus ini menyebabkan kehilangan hasil yang signifikan pada tanaman serealia utama seperti gandum, barli, oat, jagung, dan padi. Kehilangan hasil rata – rata yang diakibatkan oleh virus BYDV dapat mencapai 86%. Di tingkat global, BYDV termasuk ancaman utama bagi produksi serealia karena efeknya yang sistemik serta kemampuan virus untuk bertahan dan menyebar melalui inang alternatif dan vektor serangga. Dibeberapa negara seperti Amerika serikat yang mengalami kehilangan

hasil tanaman gandum sebesar 70 – 100%, Cina telah dilaporkan mengalami epidemi virus ini pada tanaman gandum (Liu et al., 2020; Marshall & Rashed, 2013; Rashidi et al., 2021; Wu et al., 2011)

Secara umum infeksi BYDV memiliki gejala klorosis kuning dan kerdil. Di Indonesia, virus ini masuk dalam kategori A1 pada Peraturan Menteri Pertanian Republik Indonesia Nomor 25 Tahun 2020 tentang jenis organisme pengganggu tumbuhan karantina, yaitu OPTK belum terdapat di wilayah Indonesia. Variasi genetik dari BYDV semakin luas seiring kemampuan virus yang adaptif untuk bertahan dan beradaptasi di lingkungan yang baru. Beberapa laporan dari wilayah sub tropis seperti eropa, asia timur, dan amerika menunjukkan tingginya keragaman isolat BYDV, yang dipengaruhi oleh perbedaan kondisi agroekologi serta dinamika migrasi vektor aphid. Meskipun sebagian besar temuan berasal dari negara sub-tropis, kemungkinan keberadaan BYDV di Indonesia tidak dapat diabaikan. Virus RNA seperti BYDV memiliki tingkat mutasi tinggi sehingga mampu menyesuaikan diri pada ekosistem tropis ketika berpindah melalui benih terinfeksi atau vektor yang telah ada di Indonesia. Lingkungan tropis yang mendukung keberlangsungan populasi aphid sepanjang tahun membuat populasi serangga ini tidak mengalami penurunan drastis seperti di negara beriklim sedang, sehingga potensi terjadinya infeksi dan penularan virus lebih kontinu. Serta keberadaan rumput liar potensial sebagai inang semakin memperbesar peluang adaptasi virus (Armand et al., 2023; Khine et al., 2020).

BYDV ditularkan secara persisten oleh beberapa spesies aphid seperti *Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, dan *Rhopalosiphum maidis*. Mekanisme penularan yang bersifat persisten-sirkulatif memungkinkan virus bertahan dalam tubuh vektor sepanjang hidup serangga setelah masa laten tertentu. Dengan demikian, aphid yang telah terinfeksi dapat menyebarkan virus secara terus-menerus ke tanaman lain. Kombinasi antara tingginya kemampuan reproduksi aphid, kecepatan perkembangbiakannya, serta potensi migrasi jarak jauh melalui angin menjadikan BYDV sebagai patogen yang memiliki potensi penyebaran luas dalam waktu singkat (Armand et al., 2023; Wei et al., 2023).

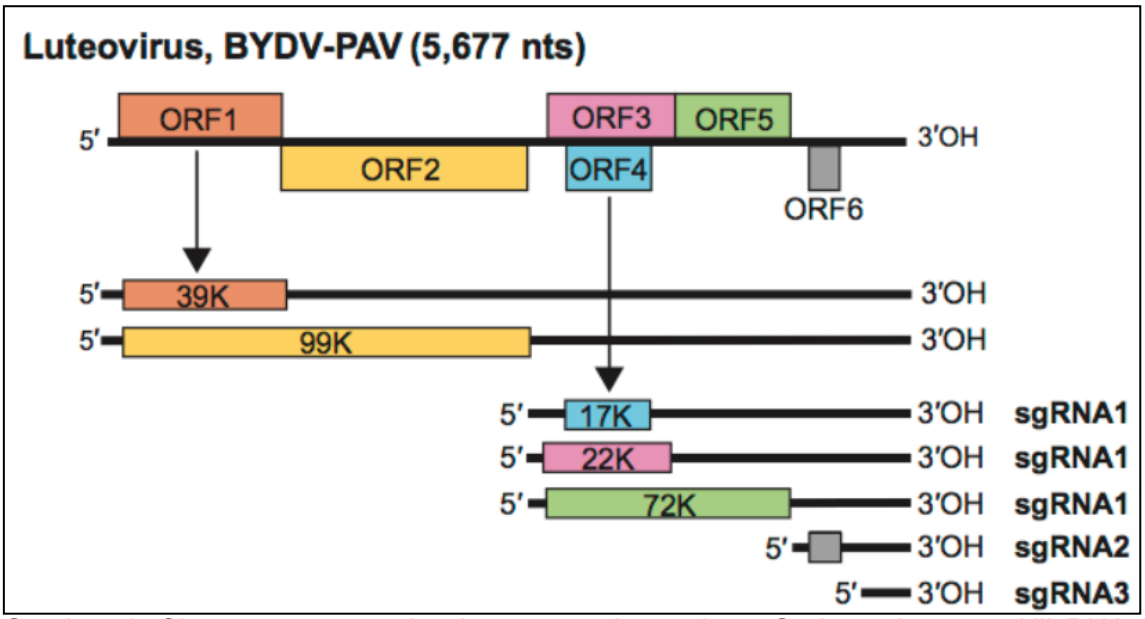
Di sisi lain, keterbatasan sistem deteksi dini terhadap virus tanaman di Indonesia masih menjadi tantangan. Gejala BYDV yang mirip dengan kondisi abiotik seperti defisiensi nutrisi sering menghambat identifikasi cepat di lapangan. Oleh karena itu, kajian tentang potensi penyebaran BYDV memungkinkan untuk memprediksi potensi kemunculan BYDV di Indonesia.

Bahan dan Metode

Penelitian ini menggunakan metode pengumpulan data melalui jurnal ilmiah nasional dan internasional dengan fokus utama pada laporan kejadian virus BYDV di asia. Studi literatur menggunakan database pada scopus dan google scholar dengan tahun terbit secara acak.

Hasil dan Pembahasan

Virus BYDV merupakan bagian dari genus *Luteovirus* dan famili *Luteoviridae*. Partikel virus berbentuk dengan diameter sekitar 25 nm dan memiliki ukuran panjang 5,6 – 5,8 kb. Patogen ini tersusun atas untai tunggal RNA (+ssRNA) yang diselubungi oleh *coat protein*. Karakter genom Luteovirus terdiri dari 6 open reading frames (ORF), yaitu ORF1 dan ORF2 yang mengkode protein replikasi, ORF 3 mengkode coat protein, ORF 4 mengkode protein yang berperan dalam infeksi jaringan floem, ORF 5 yang memiliki panjang 1350 nt, dan ORF6 (ICTV, 2025).



Gambar 1. Skema genom pada virus genus Luteovirus. Garis padat mewakili RNA; kotak mewakili ORF; kotak yang lebih tipis mewakili produk translasi; oval abu-abu mewakili VPg (ICTV, 2025).

Genus Luteovirus memiliki cara tertentu oleh satu atau beberapa spesies aphids. Penularan bersifat nonpropagative, yaitu tidak melakukan perbanyakan virus dalam tubuh vektor. Virus membutuhkan bantuan vektor agar dapat mengifeksi tanaman. Patogen virus BYDV ditularkan oleh sekitar 25 spesies aphids yang tersebar di seluruh dunia. Dua spesies diantaranya, yakni *Rhopalosiphum padi* dan *Sitobian avanae* merupakan vektor utama BYDV (Kim et al., 2022). Sebagai vektor, aphids dapat membawa partikel virus dalam tubuhnya, yakni dengan cara memakan jaringan floem pada tanaman yang terinfeksi virus BYDV. Virus akan masuk ke saluran makanan dan usus agar dapat diangkut ke rongga tubuh, kemudian bersirkulasi dan secara aktif diangkut masuk melintasi sel dan disimpan di kelenjar ludah agar dapat dikeluarkan ke jaringan floem tanaman lain. Virus ini ditularkan secara sirkulasi yang persisten dan terbatas pada jaringan floem tanaman inang (Krueger et al., 2013).

Setiap spesies BYDV hanya dapat ditransmisikan oleh spesies aphids yang sesuai. Satu spesies aphids biasanya dapat secara efisien menularkan lebih dari satu spesies virus. Beberapa spesies aphids yang memiliki peran penting seperti, *S. avenae* merupakan vektor virus BYDV-PAV dan BYDV-MAV, *R. padi* merupakan vektor virus BYDV-PAV dan *Cereal yellow dwarf virus-RPV* (CYDV-RPV). Hal ini juga menunjukkan bahwa satu spesies virus dapat dibawa oleh lebih dari satu spesies vektor. Kemampuan ini berkaitan dengan spesifitas aphids pada bagian reseptor di kelenjar ludah aphids untuk mengenali *coat protein* virus (Khine et al., 2020).

Keberagaman spesies *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) memiliki implikasi besar terhadap dinamika penyebaran dan tantangan pengelolaan penyakit di berbagai wilayah, termasuk Indonesia. Perbedaan genetik di antara tujuh kelompok utama BYDV, yakni BYDV-PAV, BYDV-MAV, BYDV-PAS, BYDV-KerII, BYDV-KerIII, BYDV-SGV and BYDV-GPV. Hal ini menunjukkan bahwa virus ini mampu berevolusi dan beradaptasi dengan cepat terhadap lingkungan, inang, maupun vektor yang berbeda. Variasi ini berdampak langsung pada efisiensi penularan oleh aphids, karena setiap spesies virus memiliki hubungan spesifik dengan vektor tertentu seperti *Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, dan *Schizaphis graminum*. Adanya strain-strain unik seperti BYDV-GPV di Cina yang tidak memiliki kedekatan serologis dengan strain Amerika semakin memperlihatkan luasnya potensi evolusi dan migrasi virus (Wei et al., 2023). Kondisi ini penting bagi wilayah tropis seperti Indonesia, mengingat adaptasi virus, mobilitas vektor yang tinggi akibat perdagangan, pergerakan komoditas, serta perubahan iklim dapat membuka peluang masuknya varian BYDV tanpa terdeteksi. Keragaman genetik yang tinggi ini juga berpotensi menyebabkan kegagalan deteksi apabila metode diagnostik yang digunakan hanya menargetkan kelompok tertentu, sehingga BYDV mungkin telah muncul namun belum terlaporkan secara resmi.

Beberapa spesies yang tergabung dalam genus Luteovirus, yakni BYDV-PAV, BYDV-MAV, BYDV-PAS, BYDV-kerII, BYDV-kerIII. Spesies BYDV-PAV diketahui memiliki penyebaran yang luas. Beberapa kasus *yellow dwarf virus*, BYDV-PAV merupakan spesies dominan yang dilaporkan di Amerika, Australia, Cina pada tanaman serealia (Adhikari et al., 2020; Karaozan & Usta, 2020; Nancarrow et al., 2021; Sadeghi et al., 2016). Virus ini memiliki gejala daun menguning dan tanaman kerdil terhambat pertumbuhanya. Laporan terkait infeksi BYDV pada tanaman oat umumnya menunjukkan gejala perubahan warna menjadi kuning, pengerdilan, dan pertumbuhan akar berkurang (Kim et al., 2022). Keparahan gejala yang nampak pada tanaman terhadap infeksi virus sangat bergantung pada genotipe tanaman, spesies virus, umur tanaman pada saat infeksi, dan kondisi lingkungan (Kaddachi et al., 2014).

Infeksi BYDV di Kawasan Asia ditemukan pada tanaman gandum di Pakistan, Taiwan, dan Cina pada sembilan tahun terakhir ini. Tanaman gandum terinfeksi BYDV di Pakistan menunjukkan perubahan warna daun menjadi kuning, merah, atau ungu terutama pada ujung daun hingga pangkal, dan dari tepi hingga pelepah daun. Hasil temuan, yaitu rata – rata insidensi BYDV 6,69% dengan rata – rata persentase tingkat keparahan 55,3% (Kalsoom et al., 2017). Hal ini menunjukkan adanya potensi perkembangan epidemi jika populasi vektor meningkat dan tingkat keparahan lebih dari 50% dapat berpotensi menurunkan produktivitas tanaman. Adapun diketahui bahwa BYDV pada musim yang lembab memiliki tingkat insidensi penyakit yang tinggi.

Laporan infeksi BYDV di Taiwan memiliki gejala daun berubah warna menjadi kekuningan dengan V-shape kemerahan dan ungu. Hasil identifikasi molekuler sekuens coat protein BYDV Taiwan menunjukkan persentasi kemiripan sebesar 99% terhadap isolate BYDV-PAV Amerika Serikat (Yao et al., 2019). Hasil identifikasi molekuler sekuens parsial BYDV di Cina dari tanaman gandum, barli, dan oat yang bergejala kerdil dan menguning bahkan asimptomatik ditemukan bahwa identitas sekuens isolate Cina terkelompok dengan isolat dari Eropa. Kemiripan sekuens antar spesies virus dapat dipengaruhi oleh beberapa faktor, yakni spesies inang, lingkungan, dan serangga vektor. Adanya kemampuan migrasi jarak jauh aphids sebagai serangga vektor dapat menyebarkan dan menghasilkan kemiripan yang tinggi antar spesies virus pada wilayah geografis yang jauh (Khine et al., 2020).

Kesimpulan

Barley yellow dwarf virus (BYDV) telah menyebabkan epidemi pada berbagai tanaman serealia dan telah masuk dan menyebar ke wilayah Asia. Virus ini memiliki spesies yang beragam. Keragaman genetik ini menunjukkan kemampuan virus untuk beradaptasi dengan lingkungan yang baru. Infeksi BYDV memiliki gejala daun menguning dan kerdil serta virus ini juga dapat menyebabkan infeksi asimptomatik sehingga dapat menghambat deteksi dini di lapangan. Selain itu aphis sebagai serangga vektor mampu melakukan migrasi jauh sehingga memungkinkan untuk memindahkan virus antar wilayah. Keragaman genetik dan kemampuan vektor aphids menjadi faktor dalam penyebaran penyakit ini secara luas dan dalam waktu singkat. Oleh karena itu, virus ini perlu diwaspadai karena ada potensi masuk dan menyebar ke Indonesia.

Daftar Pustaka

Adhikari, A., Lockhart, B. E., Ganiger, M., Byamukama, E., Tande, C., Smith, M. J., & Dill-Macky, R. (2020). Barley yellow dwarf virus-PAV is the dominant species causing Barley yellow dwarf disease in South Dakota and Minnesota. *Crop Protection*, *134*(April), 105171. https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105171

Armand, T., Souquet, M., Korn, L., Gauthier, K., & Jacquot, E. (2023). Asymmetric interactions between barley yellow dwarf virus -PAV and wheat dwarf virus in wheat. *Frontiers in Plant Science*, *14*(July), 1–16. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1194622

ICTV, 2025. https://ictv.global/report_9th/RNApos/Luteoviridae

Kaddachi, I., Souiden, Y., Achouri, D., & Cheour, F. (2014). International journal of phytopathology. *International Journal of Phytopathology*, 155–160. http://escijournals.net/index.php/phytopath/article/view/2367

Kalsoom, Nafees, B., Muhammad, I., Ali, B., Johar, J., & Syah, S. J. A. (2017). Distribution of Barley Yellow Dwarf Virus in selected districts of Southern, Northern and Central Zone of Khyber Pakhtunkhwa, Pakistan; A preliminary study. *International Journal of Biosciences (IJB)*, *11*(5), 70–76. https://doi.org/10.12692/ijb/11.5.70-76

Karaozan, A., & Usta, M. (2020). Concurrent detection of five Yellow dwarf viruses (B/CYDVs) in wheat in Mardin (Turkey) and phylogenetic relationship of BYDV-PAV. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, *48*(4), 1862–1872. https://doi.org/10.15835/nbha48411985

Khine, M. O., Michaela, B., Liu, Y., Kundu, J. K., & Wang, X. feng. (2020). Molecular diversity of barley yellow dwarf virus-PAV from China and the Czech Republic. *Journal of Integrative Agriculture*, *19*(11), 2736–2745. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63241-5

Kim, N., Lee, H., Kim, S., & Jeong, R. (2022). *Incidence and Distribution of Barley yellow dwarf virus Infecting Oats in Korea*. *28*(1), 32–38.

Krueger, E. N., Beckett, R. J., Gray, S. M., & Allen Miller, W. (2013). The complete nucleotide sequence of the genome of Barley yellow dwarf virus-RMV reveals it to be a new Polerovirus distantly related to other yellow dwarf viruses. *Frontiers in Microbiology*, *4*(JUL), 1–11. https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00205

Liu, Y., Khine, M. O., Zhang, P., Fu, Y., & Wang, X. (2020). Incidence and distribution of insect-transmitted cereal viruses in wheat in China from 2007 to 2019. *Plant Disease*, *104*(5), 1407–1414. https://doi.org/10.1094/PDIS-11-19-2323-RE

Marshall, J. M., & Rashed, A. (2013). *in Idaho Cereal Crops*.

Nancarrow, N., Aftab, M., Hollaway, G., Rodoni, B., & Trębicki, P. (2021). Yield losses caused by barley yellow dwarf virus-pav infection in wheat and barley: A three-year field study in south-eastern Australia. *Microorganisms*, *9*(3), 1–15. https://doi.org/10.3390/microorganisms9030645

Rashidi, M., Cruzado, R. K., Hutchinson, P. J. S., Bosque-Pérez, N. A., Marshall, J. M., & Rashed, A. (2021). Grassy weeds and corn as potential sources of barley yellow dwarf virus spread into winter wheat. *Plant Disease*, *105*(2), 444–449. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-1004-RE

Sadeghi, S. E., Bjur, J., Ingwell, L., Unger, L., Bosque-Pérez, N. A., & Eigenbrode, S. D. (2016). Interactions between Metopolophium festucae cerealium (Hemiptera: Aphididae) and Barley yellow dwarf virus (BYDV-PAV). *Journal of Insect Science*, *16*(1), 46–51. https://doi.org/10.1093/jisesa/iev160

Wei, S., Chen, G., Yang, H., Huang, L., Gong, G., Luo, P. G., & Zhang, M. (2023). Global molecular evolution and phylogeographic analysis of barley yellow dwarf virus based on the cp and mp genes. *Virology Journal*, *20*(1), 1–12. https://doi.org/10.1186/s12985-023-02084-1

Wu, B., Blanchard-Letort, A., Liu, Y., Zhou, G., Wang, X., & Elena, S. F. (2011). Dynamics of molecular evolution and phylogeography of Barley yellow dwarf virus-PAV. *PLoS ONE*, *6*(2). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016896

Yao, S.-M., Hung, T.-H., Yang, J. I., & Huang, Y. F. (2019). *First Report of Barley yellow dwarf virus-PAV infecting oats (Avena sativa L.) in Taiwan*.