

Etat de connaissances de *Banana Bunchy top Virus* (BBTV) : Synthèse bibliographique

Andeime-Edzang Myrianne-Flore

Centre National de Recherche Scientifique et Technologique, Institut de
Recherches Agronomique et Forestière (IRAF), Laboratoire de Protection
des Végétaux, Gros Bouquet, Libreville, Gabon
Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Laboratoire de
Biotechnologies, Biologie végétale et Environnement, Franceville, Gabon

Abaga Obiang

Centre National de Recherche Scientifique et Technologique, Institut de
Recherches Agronomique et Forestière (IRAF), Laboratoire de Protection
des Végétaux, Gros Bouquet, Libreville, Gabon

Lepengue Nicaise

Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Laboratoire de
Biotechnologies, Biologie végétale et Environnement, Franceville, Gabon

Iskra-Caruana Marie-Line

Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le
Développement (CIRAD), UMR BGPI, Campus International de Baillarguet,
Laboratoire 2B2E, 34398 Montpellier, France

[Doi:10.19044/esj.2025.v21n27p165](https://doi.org/10.19044/esj.2025.v21n27p165)

Submitted: 10 June 2025

Accepted: 18 September 2025

Published: 30 September 2025

Copyright 2025 Author(s)

Under Creative Commons CC-BY 4.0

OPEN ACCESS

Cite As:

Andeime-Edzang, M-F., Abaga, O., Lepengue, N. & Iskra-Caruana, M-L. (2025). *Etat de connaissances de Banana Bunchy top Virus (BBTV) : Synthèse bibliographique*. European Scientific Journal, ESJ, 21 (27), 165. <https://doi.org/10.19044/esj.2025.v21n27p165>

Résumé

Banana bunchy top virus (BBTV) est l'un des virus les plus destructeurs des bananiers, causant *Banana bunchy top disease* (BBTD). Il entraîne des pertes économiques importantes et constitue une menace pour la sécurité alimentaire dans plusieurs régions du monde. Cette étude fait le point sur les connaissances actuelles du BBTV. La méthodologie utilisée a consisté à faire une synthèse de la revue bibliographique du BBTV. Il ressort de cette étude que le BBTV appartient à la famille des *Nanoviridae*, genre *Babuvirus*. Il est composé d'un ADN monocaténaire constitué de 6 à 10 molécules ADN

codant chacune pour une protéine ayant un rôle important dans le fonctionnement du virus. Il affecte toutes les parties du bananier, notamment les feuilles, le pseudotrunc et les rejets, provoquant un nanisme de la plante, des stries vert foncé, des feuilles dressées comme un bouquet de fleur. Il peut occasionner des pertes allant jusqu'à 80 à 100% de production de la banane. Le BBTv est transmis principalement par un puceron, *Pentalonia nigronervosa*, qui transmet le virus de manière persistante et circulante. Son hôte principal est *Musa spp.*, bien que d'autres plantes comme *Enset spp* puissent être affectées. Il se propage principalement par le puceron et le matériel de plantation conventionnel notamment les bulbes et les rejets qui contribuent à l'expansion de la maladie. Le BBTv peut être détecté par différentes techniques telles que les méthodes d'observations visuelles, sérologiques et moléculaires. Le virus est présent dans près de 53 pays dans le monde. Avec une incidence de 38% pour l'Afrique, 32% pour l'Asie; 28% pour l'Océanie et 2% pour l'Amérique. Il existe deux principaux groupes phylogénétiques : le groupe Pacifique-Océan Indien (PIO) et le groupe Asie du Sud Est (SEA). Pour protéger la culture du bananier, des mesures de gestion du BBTv peuvent être mise en place à plusieurs niveaux : (1) L'élimination des plants infectés pour éviter la propagation. (2) ; l'utilisation de matériel végétal sain et certifié ; (3) La lutte contre le puceron vecteur, (4) La recherche de variétés résistantes par sélection génétique ou biotechnologie. Au Gabon, le virus est signalé mais reste peu étudié, rendant nécessaires des recherches locales pour évaluer son impact et développer des stratégies de gestion adaptées. Les études menées dans ce pays ont révélé la présence du virus sur les 8 parmi les 9 provinces du Gabon.

Mots-clés: Banana bunchy top virus (BBTV); Banana bunchy top disease (BBTD) ; Bananier ; Epidémiologie ; Diagnostique

Current Knowledge on the *Banana Bunchy Top Virus* (BBTV): A Literature Review

Andeime-Edzang Myrianne-Flore

Centre National de Recherche Scientifique et Technologique, Institut de Recherches Agronomique et Forestière (IRAF), Laboratoire de Protection des Végétaux, Gros Bouquet, Libreville, Gabon
Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Laboratoire de Biotechnologies, Biologie végétale et Environnement, Franceville, Gabon

Abaga Obiang

Centre National de Recherche Scientifique et Technologique, Institut de Recherches Agronomique et Forestière (IRAF), Laboratoire de Protection des Végétaux, Gros Bouquet, Libreville, Gabon

Lepengue Nicaise

Université des Sciences et Techniques de Masuku (USTM), Laboratoire de Biotechnologies, Biologie végétale et Environnement, Franceville, Gabon

Iskra-Caruana Marie-Line

Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), UMR BGPI, Campus International de Baillarguet, Laboratoire 2B2E, 34398 Montpellier, France

Abstract

Banana bunchy top virus (BBTV) is one of the most destructive viruses affecting banana plants, causing *Banana bunchy top disease* (BBTD). It causes significant economic losses and poses a threat to food security in several regions of the world. This study reviews current knowledge of BBTV. The methodology used consisted of synthesizing the literature review. BBTV. This study shows that BBTV belongs to the *Nanoviridae* family, genus *Babuvirus*. It is composed of single-stranded DNA consisting of 6 to 10 DNA molecules, each encoding a protein that plays an important role in the functioning of the virus. It affects all parts of the banana plant, particularly the leaves, pseudostem, and suckers, causing dwarfism, dark green streaks, and leaves that stand upright like a bouquet of flowers. It can cause losses of up to 80-100% of banana production. BBTV is transmitted mainly by an aphid, *Pentalonia nigronervosa*, which transmits the virus persistently and circulantly. Its main host is *Musa spp.*, although other plants such as *Enset spp.* may be affected. It spreads mainly through aphids and conventional planting material, particularly bulbs and suckers, which contribute to the spread of the disease. BBTV can be detected by various techniques such as visual, serological, and molecular methods. The virus is present in nearly 53 countries worldwide, with an incidence of 38% in Africa, 32% in Asia, 28%

in Oceania, and 2% in the Americas. There are two main phylogenetic groups: the Pacific-Indian Ocean (PIO) group and the Southeast Asia (SEA) group. To protect banana crops, BBTV management measures can be implemented at several levels: (1) Elimination of infected plants to prevent spread. (2) Use of healthy, certified plant material. (3) Control of the aphid vector; (4) Research into resistant varieties through genetic selection or biotechnology. In Gabon, the virus has been reported but remains poorly studied, making local research necessary to assess its impact and develop appropriate management strategies. Studies have revealed the presence of the virus in eight of the nine provinces in Gabon.

Keywords: Banana bunchy top virus (BBTV); Banana bunchy top disease (BBTD); Banana tree; Epidemiology; Distribution; Diagnosis

Introduction

La banane dessert et plantain occupent une place importante dans l'alimentation de millions de personnes dans le monde. Cette culture fait l'objet d'attaque de plusieurs maladies et ravageurs causant des pertes importantes la production de cette dernière. Parmi ces maladies figurent les maladies fongiques, bactériennes et virales (Jones, 2000). Les maladies virales du bananier constituent une menace importante pour la sécurité alimentaire de nombreuses populations. Parmi ces virus sont répertoriés quatre qui impactent la banane dessert et plantain dans le monde (Kumar et al. 2014). Il s'agit de : *Banana bunchy top virus* (BBTV), *Banana streak virus* (BSV), *Banana bract mosaic virus* (BBrMV) et *Cucumber mosaic virus* (CMV).

La plus dévastatrice des maladies virales des bananiers est *Banana bunchy top disease* (BBTD) ou maladie de sommet touffu causée par le *Banana bunchy top virus* (BBTV) car elle peut causer des pertes pouvant aller jusqu'à plus de 80% de la production (Caruana, 2003). Elle a été rapportée pour la première fois en 1889 aux Iles Fidji mais son agent causal a été identifié 100 ans plus tard (Caruana, 2003; Kumar *et al.*, 2011).

Elle est originaire de l'Asie du Sud-Est et du Sud-Pacifique. Cette maladie est signalée dans de nombreuses régions du monde et laisse indemne le continent américain. La maladie de Bunchy top des bananiers est présente sur le continent africain depuis 1901 en Egypte, et elle a été ensuite signalée en 1950 au Congo Belge (RDC). Dans ces deux cas l'analyse des séquences virales des isolats présents dans ces deux zones a montré qu'il s'agissait de deux introductions indépendantes en Afrique. La maladie a été rapportée au Gabon en 1980 (Fouré & Manser, 1982). Elle a progressé ces 10 dernières années d'Est en Ouest, et est présente actuellement dans plus de 20 pays africains.

Ce virus est l'un des plus destructeurs affectant les bananiers (Caruana, 2003). Elle est incurable et cause d'importance pertes économiques et agricole. Son étude est primordiale pour déterminer son impact économique et agricole. En effet la bibliographie a révélée qu'il peut provoquer les pertes drastiques de production du bananier en réduisant la croissance de celui-ci (Caruana, 2003). Ces pertes représentent une grande menace pour la sécurité alimentaire car la disparition de cette culture mettra en danger des millions de personnes. La banane et plantain constituent des aliments de base de plusieurs populations dans de nombreux pays. La propagation du BBTv et son contrôle doivent être aussi connu pour la mise en place des pratiques agronomiques durables, des différentes contributions politiques agricoles et décisions gouvernementales des différents pays. Son importance scientifique et phytosanitaire doit être aussi une raison valable d'être étudié pour mieux comprendre l'évolution du virus, améliorer les stratégies de détections et identifier les variétés des bananiers résistants réduisant ainsi les pertes agricoles. Cet article a pour objectif général de faire un état de connaissances du Banana bunchy top virus (BBTV) et Banana bunchy top Disease (BBTD). Plus spécifiquement, il s'agira de :

- faire l'état des connaissances biologiques et taxonomique du BBTv ;
- présenter le diagnostic, l'épidémiologie et la distribution du BBTv ;
- d'exposer les stratégies de lutte contre BBTv et le contexte local.

Materiel et Methodes

Materiel

Le matériel utilisé pour cette synthèse bibliographique a été constitué d'un ensemble varié de documents scientifiques et techniques. Il s'agit principalement de publications d'articles originaux et de revues spécialisées, mais également de livres, mémoires, des thèses et rapports techniques issus d'organismes nationaux et internationaux. Ces sources ont permis de couvrir de manière complète les différents aspects du Banana bunchy top virus (BBTV). L'organisation et la gestion des références bibliographiques ont été réalisées à l'aide du logiciel Mendeley, facilitant ainsi la sélection, le classement et la citation cohérente des documents consultés.

Méthodologie d'étude

La méthodologie de recherche d'information repose sur une recherche documentaire systématique réalisée dans Google Scholar, SCI HUB, PubMed, Scopus et d'autres pages Web, complétée par des livres et des rapports institutionnels (FAO, CIRAD, IITA, etc...). Les mots-clés liés au Banana bunchy top virus (BBTV) ont été combinés avec des opérateurs booléens, et les publications en anglais et en français entre 1990 et 2025 ont été retenues. Les références ont été sélectionnées selon leur pertinence scientifique, puis

organisées et gérées avec le logiciel Mendeley. Les sources ont été analysées et synthétisées autour des axes majeurs : symptômes, biologie, agent vecteur, diagnostic, épidémiologie, diversité, distribution, stratégie de lutte du BBTV.

Resultats et Discussion

Resultats

Connaissances biologiques et taxonomiques du BBTV

Symptômes, Taxonomie et biologie de BBTV

La maladie du Bunchy top des bananiers (*Banana bunchy top disease* ou BBTD) provoque un ensemble de symptômes caractéristiques sur les plants. Ces symptômes typiques de *Banana bunchy top virus* sont très précis, clairement identifiables sur tous les bananiers de type *M. acuminata* de ceux causés par les autres virus du bananier (Caruana, 2003). Les symptômes peuvent être visibles sur toutes les parties extérieures de la plante : les feuilles, les pétioles, le pseudotrunc, les fruits et les rejets à tous les stades de croissance. Ils varient aussi en fonction de la gravité de l'infection et de la variété des bananiers. Le seul hôte du BBTV connu à ce jour *Musa sp et Enset*. Les premiers signes de l'infection par le BBTV se manifestent sur les nervures, la nervure centrale et le pétiole des feuilles sous la forme de stries vert foncé discontinues de longueur variable. Les symptômes sont parfois appelés "stries en code morse" ou « stries code morse » car les stries sont irrégulières et ressemblent à une série de points et de tirets (Tripathi *et al.*, 2016). Ces stries vert foncé sont aussi observées sur les gaines constituant le pseudo tronc (Thomas & Jones, 1994, Kumar *et al.*, 2011) (figure 1 B). Pour mieux voir ces stries vert foncé on peut regarder la couche blanche cireuse du pétiole et la nervure centrale. De plus, des extensions vert foncé ressemblant à des crochets peuvent être observées dans une zone étroite, vert clair, entre la nervure centrale et le limbe. Les crochets courts pointent vers le bas le long de la nervure centrale en direction du pétiole. (Tripathi *et al.*, 2016). Ces tirets sont mieux observés en réfléchissant la feuille contre le ciel.

À un stade ultérieur, les nouvelles feuilles des plantes infectées émergent difficilement et sont plus étroites, avec un limbe ondulé et une marge jaune. Au fur et à mesure que les feuilles successives des plantes infectées émergent, on constate qu'elles sont de plus en plus anormales. Les feuilles deviennent progressivement plus petites avec une elongation limitée du pétiole. Les feuilles restent anormalement dressées. Lorsque plusieurs feuilles anormales ont émergé, une congestion extrême ou une grappe apparaît au sommet de la plante (Fig. 1.A et C), symptôme qui a donné son nom à la maladie.

Les feuilles émergentes difficilement après l'apparition des premiers symptômes et elles sont plus étroites avec d'autres symptômes suivants limbe ondulé et une marge jaune (figure 1C). Leur aspect est modifié

progressivement, elles sont de plus en plus petites avec une élongation limitée du pétiole. Elles seront dressées anormalement et se présenteront sous forme de bouquet ou sommet touffu. Et le plant se caractérise par un nanisme. Le pétiole, la nervure centrale et le limbe des plantes infectées sont durs et cassants et peuvent se briser facilement lorsqu'ils sont pliés ou écrasés avec une diminution importante du limbe, alors que les feuilles saines sont de nature élastiques et souples (Thomas & Jones, 1994, Kumar et al., 2011 ; Tripathi et al., 2016).

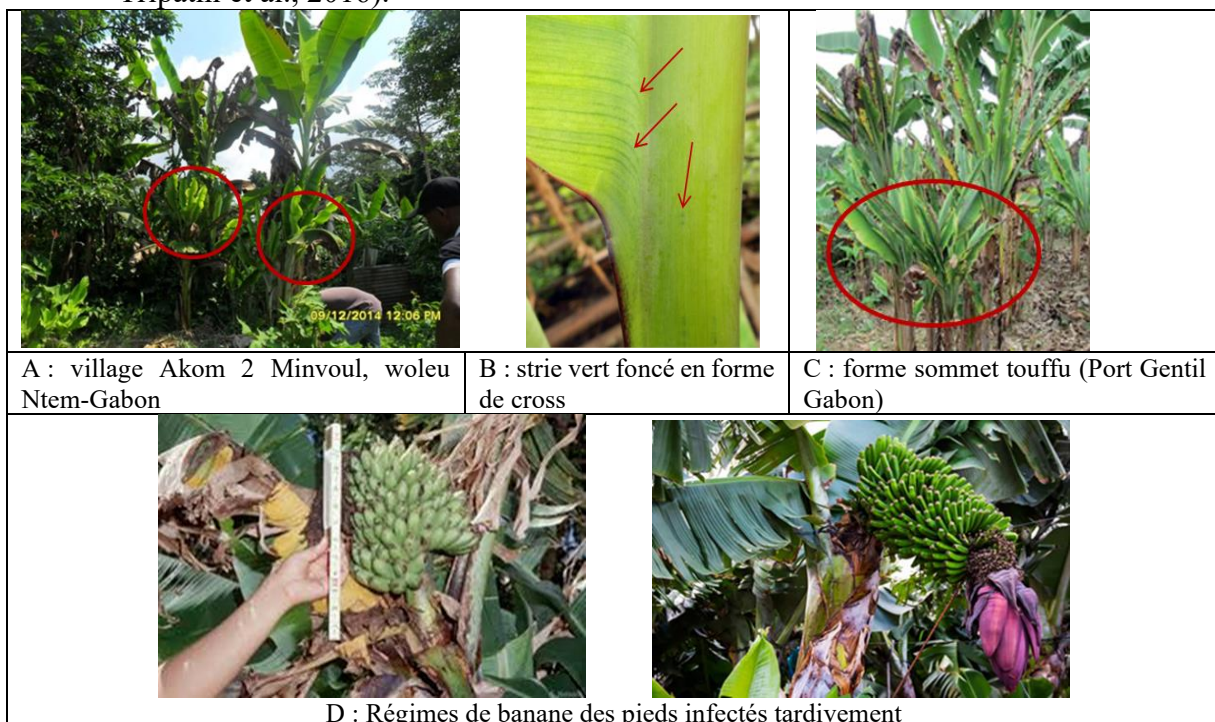


Figure 1 : Les symptômes de *Banana bunchy top virus* : Touffe avec pieds infectés (A et C) ; une feuille avec des stries vert foncé (B) et des régimes de banana des plants infecté tardivement (D).

Les plantes infectées au début de leur croissance ne produisent pas de fruits, ce qui entraîne une perte totale de rendement, tandis que les plantes infectées aux stades ultérieurs en fin de cycle de culture peuvent produire des fruits normaux ou déformés (Dale, 1987; Pietersen & Thomas, 2003; Thomas & Jones, 1994) (Figure 1 D). Ces plantes adultes infectées très tardivement, vont seulement développer des tirets vert foncé à l'extrémité de la bractée florale ce qui va constituer souvent le seul symptôme dans ces cas (Iskra-Caruana et al., 2003).

Les rejets issus des plantes mères infectées sont systématiquement sévèrement atteints sur la première feuille émise, et les rejets ont la forme de nanisme. Les feuilles sont rabougries avec des feuilles qui ne s'étendent pas

normalement et restent groupées au sommet du pseudo-tronc. Ces feuilles sont raides et dressées, plus courtes et plus étroites. Le plant issu de ce rejet ne produira aucun régime.

Les variétés de bananiers qui ont du génome B présentent des symptômes de BBTv plus difficile à observer. Le nanisme est moins prononcé ainsi que la réduction et chloroses des feuilles. Des chloroses sur quelques feuilles et un port érigé permettent néanmoins de les identifier mais toujours à un stade avancé de la maladie. Généralement les stries vert-foncé sont absentes.

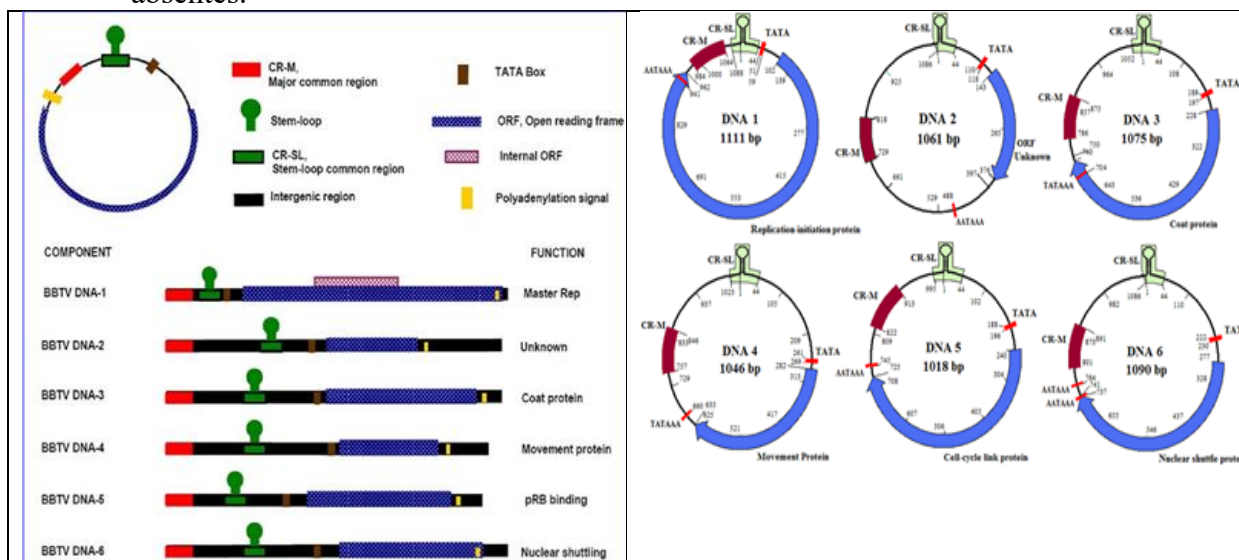


Figure 2 : Organisation génomique des six composantes d'ADN montrant CR-SL, CR-M, TATA Box , Poly A signal et ORF (Islam, M.N., *et al.*, 2010)

Le BBTv appartient au Groupe IV, à la famille *Nanoviridae* et au genre *Babuvirus*. Le virus est circulant composé d'une particule virale isométrique (virion) de 18 à 20nm de diamètre et un génome composé d'ADN monocaténaire (ss) multipartite composé de 6 à 10 ADN , circulaires d'environ 1Kb, encapsidés séparément dans les particules icosaédriques (Iskra-Caruana, 2003). Chaque composante ADN code pour une protéine à partir de son unique cadre de lecture ouvert (ORF) (Tripathi *et al.*, 2016). Les six composants du génome BBTv sont appelés ADN-R, ADN-N, ADN-S, ADN-M, ADN-C et ADN- U3 (Stainton *et al.*, 2015a) (**figure 2**). Chaque ADN code pour une protéine ayant un rôle important dans le fonctionnement du virus (Stainton *et al.*, 2015). L'ADN -1 (ADN-R) joue un rôle important dans la réplication du virus. L'ADN-2 (ADN-N) code pour la protéine de la navette. L'ADN-3 (ADN-S), code pour la protéine de capside. L'ADN-4 (ADN-M) code pour la protéine de mouvement, l'ADN-5 (ADN-C) joue un rôle dans le cycle cellulaire du virus. Le rôle de l'ADN-6 (ADN-U3) reste inconnu à ce jour.

Les ADN du virus comportent une région intergénique (IR) et au moins un cadre de lecture ouvert (ORF) qui est transcrit dans le sens du virion (Burns *et al.*, 1995). L'IR de chaque composant génomique comprend deux régions communes : la «common stem-loop region » (CR-SL) et la « Major common région » (CR-M) située à l'extrémité 5' de la Stem-Loop region (CR-SL) ; une boîte TATA (TATA Box) et un signal de polyadénylation.

La CR-SL est constituée de 69 nucléotides qui partage 62% d'homologie entre les six composants génomiques) et contient aussi une structure en tige avec boucle (Stem-loop) possédant la séquence de boucle de nanonucléotides (5' TATTATTAC 3') conservée entre les composants et les éléments itératifs (itérons) qui sont des sites potentiels de liaison Rep (Replication) ((Burns *et al.*, 1995) Burns *et al.*, 1995; Hafner *et al.*, 1997b) Horser, 2000a).(Elayabalan *et al.*, 2014)

La CR-M possèdent entre 62 et 92 nucléotides qui partage au moins 76% d'homologie entre les six composants génomiques (Stainton *et al.*, 2015). La CR-M comprend trois domaines relativement conservés (domaines I, II et III) et de courtes séquences d'amorces qui correspondent à cette région ont été isolées à partir de virions BBTv, montrant son rôle dans la synthèse du second brin des composants génomiques circulaires de l'ADNss (Hafner *et al.*, 1995 ; Elayabalan *et al.*, 2014).

Par rapport aux ORF, Les régions promotrices et terminatrices qui pilotent l'expression des ORF codés sont situées dans l'IR et se sont révélées actives dans les cellules embryogénèse de monocotylédones et de dicotylédones, avec une activité significative dans les tissus associés aux vaisseaux (Dugdale *et al.*, 1998 ; 2000).

Agent vecteur, plantes hôtes, mode de transmission et Propagation du BBTv

Le BBTv est transmis par le puceron noir appelé *Pentalonia nigronervosa* Coquerel qui est connu pour être le seul principal vecteur de ce virus selon le mode persistant, circulant et non propagatif (Magee, 1927 ; Anhalt & Almeida, 2008 ; Kumar *et al.*, 2011). Le puceron appartient à l'ordre des homoptères, à la famille *Aphididae*, et au genre *Pentalonia* et est systématiquement présent dans les pays producteurs du bananier (figure 5 C). Il existe sous deux formes : la forme non ailée et la forme ailée. Les formes ailées mesurent entre 1.6 et 1.8 mm et ont un abdomen de couleur brune.

Il a été signalé que le BBTv se propageait principalement par le biais du matériel de plantation conventionnel notamment les bulbes et les rejets (Tripathi *et al.*, 2016). Le virus est localisé dans le système digestif et les glandes salivaires de l'insecte. Le temps de latence pour que le puceron soit virulifère est de 18 heures après son acquisition. En effet de par la présence du virus préférentiellement dans les tissus du phloème où il induit une désorganisation à l'origine du symptôme de traits discontinus vert-foncé

(Caruana, 2003), le puceron doit se nourrir sur la plante afin d'acquérir le virus. D'après le même auteur, la colonisation commence même à partir du point de pénétration du virus. Un taux élevé de croissance de la population du puceron du bananier *P. nigronervosa* a été enregistré à 25 °C par rapport à 20 °C ou 30 °C (Robson *et al.*, 2006 ; Kumar *et al.*, 2015). L'efficacité de transmission du virus BBTv par le puceron vecteur a été comprise entre 46 et 67 %. Le temps de rétention du BBTv dans le vecteur après son retrait de la source du virus était de 13 à 20 jours (Magee, 1927 ; HU *et al.*, 1996). Le BBTv se réplique donc durant une courte période au point d'inoculation du puceron, descend ensuite dans le pseudo-tronc vers le méristème basal, et finalement vers le bulbe, les racines et les feuilles nouvelles formées. La réplication dans les feuilles formées avant l'infection n'a pas été démontrée. Cela peut expliquer l'incapacité du puceron à acquérir le virus à partir de ces feuilles. Le plant de bananier nouvellement infecté ne devient réservoir qu'à partir du moment où une nouvelle feuille présentant des symptômes est émise. Il a été démontré que la distance moyenne de démarrage d'un deuxième foyer d'infection dû au puceron varie entre 17.2 et 20m, partant du foyer d'infection sans ou avec l'aide de vent. La probabilité de contamination par le BBTv d'une nouvelle plantation dans les douze premiers mois de la culture est estimée à 88% en plantation commerciale (Allen *et al.*, 1977; Thomas *et al.*, 2000).

À Hawaï, il a été démontré que le puceron transmettait le virus BBTv après une période d'accès minimale d'acquisition de 4 heures et nécessitait une période d'accès minimale d'inoculation de 15 minutes (Hu *et al.* 1996). Cependant, en Australie, il a été signalé que pour la transmission du BBTv, il faut une période minimale d'acquisition de 17h et une période minimale d'inoculation de 30 minutes à 2h (Magee, 1927). Il n'y a pas de preuve de la multiplication du BBTv dans le puceron vecteur (Hafner *et al.*, 1995). Anhalt & Almeida, (2008a) ont rapporté que les pucerons adultes étaient plus efficaces dans la transmission du virus que les nymphes de troisième stade.

Il a été signalé qu'une autre espèce de puceron du bananier, *Pentalonia caladii*, transmettait le BBTv avec une efficacité moindre que *Pentalonia nigronervosa* (Watanabe *et al.* 2013). *P. nigronervosa*, un vecteur efficace du virus BBTv, est connu pour être hautement spécifique aux espèces *Musa* (Robson *et al.* 2006). Sur le bananier, les pucerons sont fréquemment observés près de la base du pseudo-stem au niveau du sol et à plusieurs centimètres sous la surface du sol (Robson *et al.* 2006).

Des études ont aussi montré que lorsque les populations de *P. nigronervosa* et de *P. caladii* étaient élevées, la propagation et la transmission du *Banana bunchy top virus* étaient plus faibles (Rahmah *et al.*, 2021).

Le seul hôte connu de ce virus est *Musa spp* et *Ensete* (Caruana, 2003). Tous les cultivars et espèces de *Musa* semblent être sensibles au BBTv

(Thomas & Jones, 1994). En Afrique des études ont montré que leur distribution et leur abondance sur *Musa spp* dépendent du type de génome (Hanna *et al.*, 2013)

Le puceron *Pentalonia nigronervosa* est connu pour être un ravageur des plants de la famille de *Musaceae*. Mais cet insecte peut aussi infester diverses plantes hôtes appartenant aux familles de *Héliconiaceae*, *Zingiberaceae*, *Araceae* (Rahmah *et al.*, 2021).

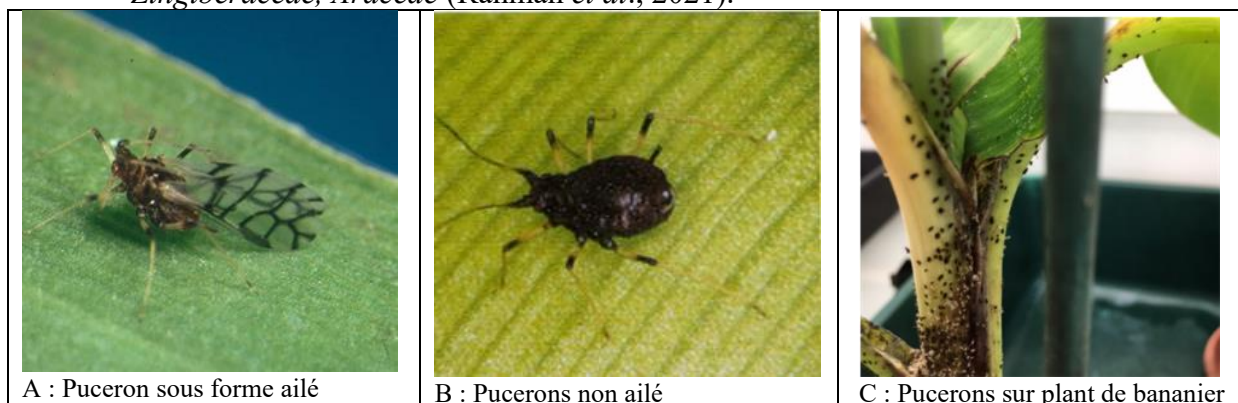


Figure 3 : Le Puceron noir du bananier : *Pentalonia nigronervosa*

Il existe deux modes de transmission du BBTV : le puceron et le matériel végétal infecté. **Par le puceron** : le vecteur s'alimente pendant quelques heures sur la plante infecté pour acquérir le virus (Figure 4). Cette acquisition du virus se fait grâce à son stylet. La période de latence qui va suivre permettra au virus de circuler dans son corps jusqu'au glande salivaire puis le puceron devient infectieux et peut transmettre le virus jusqu'à la fin de sa vie (jusqu'à 6 semaines). Le virus n'est pas transmis à sa descendance.

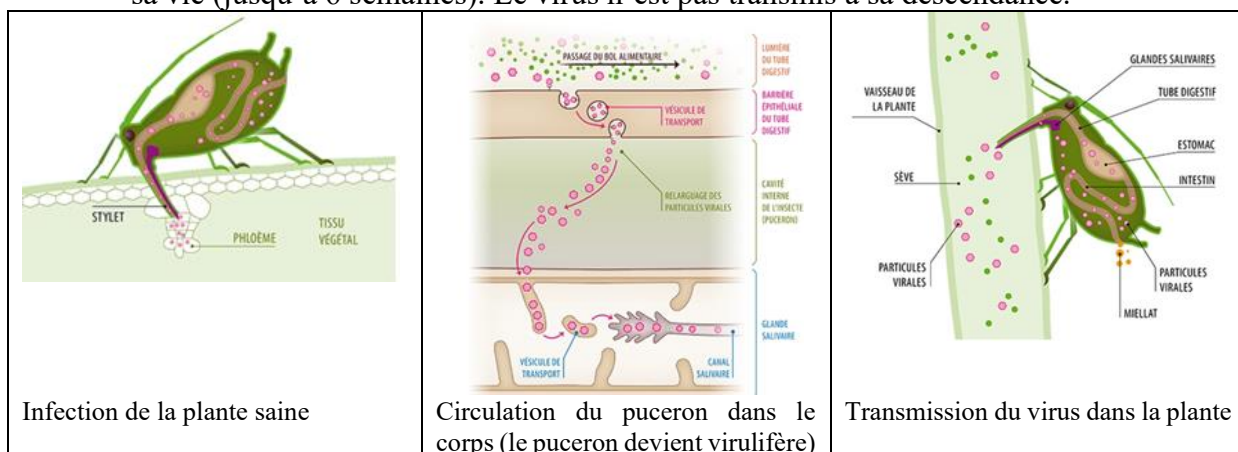


Figure 4 : Acquisition, de circulation et transmission du virus par le puceron (<https://www.bayer-agri.fr>)

Par le matériel infecté : Le BBTV est également connu pour être transmis par des bananiers (Call, 1989 ; Drew *et al.*, 1992) ; cependant, le taux de transmission n'est pas toujours de 100%. Tout matériel végétatif (rejets, plant issus de culture in vitro ou culture in vivo) utilisé en plantation est capable de transmettre le BBTV. Et les études ont montré une dissémination de 100% du BBTV enregistrée dans le cas du matériel végétal, y compris les rejets et les cornes (Magee 1927). Lorsqu'une souche est infectée tous les rejets et le plant mère seront infectés même si l'infection n'est pas initialement présente dans toutes les parties de la souche. La maladie ne peut pas être transmise mécaniquement par les outils de récolte, ni par le contact du producteur d'un plant malade à un plant infecté.

Diagnostic, épidémiologie et la distribution du (BBTV)

L'identification rapide et précise du BBTV est cruciale pour prendre des mesures de gestion et de prévention afin d'empêcher la propagation du virus dans les plantations de bananes. Le diagnostic du *Banana Bunchy Top Virus* (BBTV) dans les plantes de bananiers implique généralement une combinaison de techniques de laboratoire (diagnostic moléculaire ou sérologique) et d'observations visuelles sur les symptômes des plantes. Voici les principales méthodes de diagnostic du BBTV.

Méthodes de diagnostic du BBTV

La présence du BBTV sur un plant peut être observée par un diagnostic simple et rapide sur le plant à cause de certaines caractéristiques des symptômes du BBTV qui sont clairement identifiables. Mais par contre pour certaines variétés, les symptômes peuvent être difficiles à observer. C'est le cas parfois des bananiers de type plantain ou ayant du génome B. Parmi les méthodes de diagnostics de BBTV figurent :

❖ La méthode ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent assay)

La méthode de détection du virus du BBTV par ELISA est basée sur l'utilisation des anticorps monoclonaux et polyclonaux (Thomas & Dietzgen, 1991, Caruana 2003). L'ELISA repose sur l'interaction spécifique entre un anticorps et un antigène. Lorsque l'antigène cible est présent dans un échantillon (extrait de plante infectée par le BBTV), il est capturé par un anticorps spécifique fixé sur une plaque. Ensuite, un second anticorps, couplé à une enzyme, est ajouté. L'ajout d'un substrat déclenche une réaction enzymatique qui produit un changement de couleur mesurable par spectrophotométrie, indiquant la présence du virus.

Les sérums polyclonaux et des anticorps sont disponibles et utilisables de manière performante via les kits ELISA commercialisés (Caruana, 2003). Différents Kits ELISA (TAS -ELISA (Triple Anticorps ELISA) ; DAS-ELISA (Double anticorps ELISA en Sandwich)) existent et peuvent être

utilisés pour une détection du virus : des plants en plein champs, la culture tissulaire des végétaux et les pucerons (Thomas & Dietzgen, 1991 ; Geering & Thomas, 1996; Selvarajan *et al.*, 2010).

❖ **La méthode basée sur la PCR (Réaction de polymérisation en chaîne)**

La méthode basée sur la PCR est une technique de détection moléculaire des virus dans les plantes et les vecteurs (pucerons). Elle consiste à amplifier de manière spécifique des séquences d'ADN du BBTv par l'utilisation des amorces spécifiques au BBTv. Des amorces spécifiques ont été décrites pour amplifier des composantes spécifiques de 1 à 6 ADN du virus. L'étape d'amplification doit être précédée de l'extraction de l'ADN total du bananier. Le principe de la PCR repose sur plusieurs étapes qui sont : (1) Dénaturation qui consiste à la séparation des brins d'ADN viral ; (2) Hybridation qui est la fixation des amorces spécifiques du BBTv sur l'ADN viral ; (3) Elongation est une synthèse d'un nouvel ADN viral par une enzyme (Taq Polymérase). Ces cycles sont répétés plusieurs fois pour une amplification de l'ADN viral.

Mais lors de l'extraction de l'ADN total du bananier des inhibiteurs de PCR en diagnostic de plantes peuvent être libérés aussi. Pour pallier à cette situation une technique a été mise en place. Elle consiste à combiner la réaction Immunocapture et la PCR appelé IC-PCR (Happer 1999). Elle utilise donc la réaction immunologique et moléculaire.

Des tests PCR en temps réel avec des sondes TaqMan TM ont été aussi développés pour la détection quantitative de segments d'ADN viral dans la plante et les tissus pucerons (Bressan & Watanabe, 2011 ; Chen & Hu, 2013).

❖ **La méthode de LAMP (Loop-mediated amplification)**

C'est une méthode qui permet d'amplifier l'ADN en une étape Isotherme à une température unique entre 60° et 65° et évite les cycles de température complexes de la PCR classique (Notomi *et al.*, 2000 ; Peng *et al.*, 2012). Elle ne nécessite pas l'utilisation d'appareil PCR. Les produits de la LAMP peuvent être détectés par électrophorèse sur gel d'agarose conventionnel ou par observation visuelle des changements de turbidité/couleur (Peng, Zhang, et al., 2012). Cette technique nécessite pour l'amplification la présence de six régions de l'ADN cible qui sont reconnues par une série de quatre amorces (Mori & Notomi, 2009). Les trois étapes de la LAMP sont initiation, amplification circulaire et une étape d'élongation. Elle est pratique pour un diagnostic rapide et efficace sur le terrain et dans les zones où les laboratoires moléculaires ne sont pas disponibles. Elle développe aussi des kits commerciaux pour la détection précoce de certains agents pathogènes (Mori & Notomi, 2009). Cette méthode permet d'obtenir rapidement des résultats (moins d'une heure) et l'utilisation de plusieurs amorces spécifiques réduit les risques de faux positifs.

❖ La méthode RCA (Rolling Circle Amplification)

Le Rolling Circle Amplification (RCA) est une méthode permettant d'amplifier de caractériser et de cloner les séquences complètes des virus à génome circulaire simple brin à l'exemple des *Nanoviridae* (*Nanovirus*, *Babuvirus* et *Badnavirus*) dont le BBTV et les *Geminiviridae* (Stainton *et al.*, 2015 ; Haible *et al.*, 2006). Cette technique est isothermale et très simple et elle utilise aussi un bactériophage Phi29 DNA polymérase qui est une séquence indépendante.

Epidémiologie du BBTVD

Le BBTV est connu pour infecter une gamme d'espèces de *Musa* (Thomas et Iskra-Caruana. 2000). Le virus infecte les hybrides naturels et synthétiques de *M. paradisiaca*, abaca (*M. textilis*) (Sharman *et al.*, 2008) , et *Ensete ventricosum* (Selvarajan & Balasubramanian, 2014). Toutefois, des plantes appartenant aux espèces *Alpinia*, *Heliconia*, *Canna* et *Strelitzia* ont souvent poussé dans les zones de production de bananes et se sont révélées négatives pour l'infection par le virus BBTV (Geering & Thomas, 1997). D'après ces mêmes auteurs le contrôle de l'épidémiologie du BBTVD est simplifié par l'étude d'un seul hôte sensible et d'une espèce de vecteur. Le *Banana bunchy top virus* (BBTV) est transmis par le puceron du bananier *Pentalonia nigronervosa* sur le plan Bananier. Un rapport sur la détection du virus dans *Colocasia esculenta esculenta* en Inde (Ram & Summanwar, 1984) n'a pas été prouvé sans équivoque (Geering et Thomas 1997 ; HU *et al.*, 1996). Une plante infectée et un vecteur dans un environnement favorable sont nécessaires pour développer les épidémies de la maladie. Le matériel de plantation infecté (les rejets) joue un rôle clé dans l'épidémie et la propagation à longue distance.

Cette dissémination se fait généralement par le biais des déplacements des hommes. Et ce moyen contribue souvent à la création des nouvelles plantes et nouvelles zones infectées. La dissémination secondaire ou la dissémination sur de courtes distances à partir de ces foyers d'infection est assurée par les pucerons. En effet, un champ qui a démarré avec un matériel de plantation plante, le puceron du bananier est responsable de l'inoculum primaire et de la propagation secondaire BBTVD de plante à plante à l'intérieur du champ (Ngatat, 2017). Allen (1978) a estimé la distance de dissémination secondaire du BBTV par les pucerons à partir de la source initiale d'infection à 15,5-17,2 m dans une plantation commerciale de bananes. Près des deux tiers des nouvelles infections se trouvaient à moins de 20 m de la source la plus proche d'inoculation du virus, et 99 % à moins de 86 m.

Les épidémies peuvent être la combinaison de plusieurs facteurs, dont la présence d'un grand nombre de pucerons vecteurs et la distance de la source primaire d'infection. Une étude australienne a montré que si la nouvelle

plantation était adjacente à une plantation malade, le risque de propagation du BBTD dans la nouvelle plantation au cours des 12 premiers mois était de 88 %, et que ce risque était réduit à moins de 5 % si les plantations étaient séparées de 1 000 m (Allen et Barnier, 1977). Opina & Milloren en 1996 ont également signalé que la plupart des nouvelles infections étaient soit adjacentes, soit très proches de la source d'infection.

Les travaux de Smith *et al.*, (1998) ont montré une augmentation exponentielle de l'incidence de la maladie sur 10 ans et un gradient décroissant de l'incidence de l'extérieur de la plantation vers le centre comme deux caractéristiques clés de l'épidémiologie du BBTV aux Philippines. Ainsi l'incidence et la sévérité de la maladie augmentent avec le temps.

Les travaux d'Allen (1987) ont estimé le taux d'infection de base de BBTV à 0.0342 nouvelle infection par plante infectieuse et par jour. Mais notons aussi une variation de ce taux peut être saisonnière avec un maximum en condition chaude. Allen (1978a) signale qu'à Alstonville (New South Wales - Australie), la période d'incubation varie de 19 jours en conditions chaudes à 125 jours en conditions froides tandis que le taux d'infection relatif varie en moyenne de 0,027 à 0,001 nouvelle infection par ancienne infection par jour en conditions chaude et froide respectivement. En conséquence, la période d'incubation et le taux d'infection varient en fonction de la température et ces paramètres sont plus élevés dans les conditions chaudes et plus faibles dans les conditions froides (NGATAT, 2017).

Les études ont révélé aussi la période de latence de la maladie est estimée à 59.8 jours et a été corrélée avec le temps nécessaire à la croissance de 2 à 3.7 feuilles de bananier (Allen, 1978a ; 1987). Les bananiers ayant été infectés pendant une période supérieure à la période de latence constituent une source continue d'infection (Allen, 1987).

Distribution et diversité du BBV

La distribution de la maladie du Bunchy Top des bananiers est principalement limitée à certaines régions tropicales et subtropicales du monde. Cette maladie a été signalée dans 4 continents d'après les informations recueillies dans le site EPPO (2025) EPPO Global Database (<https://gd.eppo.int>). Le tableau 1 et la figure 6 montrent la présence du BBTV dans les différents pays et continents selon les informations du ce même site.

Tableau 1 : Nombre de pays par continent touché par le BBTV

Continents touchés	Nombre de pays touchés par BBTV	Incidence du BBTV selon les continents
Afrique	20	38%
Amérique	1	2%
Asie	17	32%
Océanie	15	28%
total	53	

Incidence du BBTV par continent

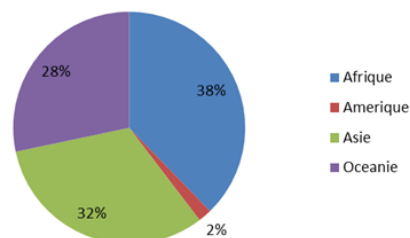


Figure 5 : Incidence du BBTV par Continent

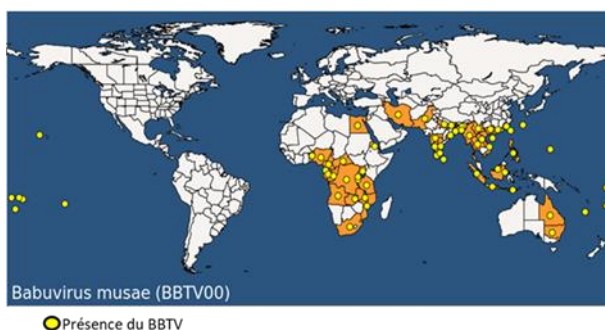


Figure 6 : Carte de distribution du Banana bunchy top virus dans le monde (EPPO (2025))



Figure 7 : Les années de rapport de BBTV en Afrique (Kumar. L, 2018)

D'après le tableau 1 et les figures (5 et 6), cette maladie a été signalée dans 53 pays dans le monde. Le continent africain enregistre plus de pays touchés soit 20 pays touchés (avec une incidence de BBTV de 38%). L'éradication du virus a été confirmée au Togo. La figure 7 montre les années de rapport de BBTV en Afrique.

L'Asie regroupe 17 pays touchés (32%). Le virus est largement présent en Chine, Inde, Indonésie, Iran, Japon, Malaisie, Pakistan, Philippines, Sri Lanka, Taiwan, Thaïlande, Vietnam. Certains endroits signalent une distribution restreinte (Japon, Laos, Malaisie, Pakistan, Philippines). Il existe quelques cas où la présence est non confirmée ou douteuse (Cambodge, Corée du Sud). L'éradication est confirmée à Irian Jaya (Indonésie) et en Malaisie occidentale.

L'Océanie regroupe 15 pays (28% d'incidence). Le virus est présent en Australie, Fidji, Polynésie française, Guam, Samoa, Tonga, Tuvalu, Wallis et Futuna. Sa distribution est restreinte en Australie, en Nouvelle-Calédonie et

en Polynésie française. Plusieurs îles du Pacifique ont des enregistrements douteux ou invalides (Kiribati, Micronésie, Palau, Papouasie-Nouvelle-Guinée, Îles Mariannes du Nord).

Et enfin l'Amérique qui enregistre un faible taux d'incidence de BBTv avec un seul pays USA plus précisément du côté de Hawaï soit 2%.

La diversité du *Banana Bunchy Top Virus* (BBTV) est principalement étudiée au niveau de ses séquences génétiques. Le BBTv est composé de plusieurs segments d'ADN circulaire, chacun codant pour des protéines virales spécifiques nécessaires à la réplication et à la propagation du virus. Les différentes souches ou isolats du BBTv peuvent présenter des variations génétiques, ce qui contribue à la diversité du virus.

Les divers isolats de BBTv caractérisés jusqu'à présent dans le monde présentent une homologie de plus de 85 % (Banerjee *et al.*, 2014 ; Kumar *et al.*, 2015).

La phylogénie basée sur l'analyse des séquences d'isolats de BBTv indique deux grands groupes géographiques: (i) le groupe Pacifique - Océans Indiens (PIO) (ancien groupe Pacifique Sud (PSG)) et le Groupe Asie du Sud-Est (SEA) (ancien groupe asiatique (Asie du Sud -Est (SG)) (Kumar *et al.*, 2011). Le groupe Pacifique-Océans Indiens regroupe les isolats de l'Australie, Afrique, Fidji, l'Inde, Tonga et Western Samoa, Hawaï et le sud Asie (Inde et Pakistan). Le Groupe Asie du Sud-Est (SEA) comprend les isolats des Philippines, Taiwan, Indonésie, Japon, Vietnam et Chine (Caruana, 2003 ; Kumar *et al.*, 2011). Ces informations sur les isolats sont sur les figures 8 et 9. Le tableau 2 montre un récapitulatif des représentation des différents groupes de BBTv d'après ces auteurs, Kumar *et al.*, (2015); et Stainton *et al.* (2015). Les analyses montrent des variations de séquences de l'ADN-R dans les isolats de chaque groupe était de 1.9% à 3%, alors que la variation entre les isolats des deux sous-groupes atteignait 10% (Karan *et al.*, 1994 ; Yu *et al.*, 2012). En dehors de l'ADN-R, les analyses montre aussi des variations de séquence entre les isolats de l'ADN-N et de l'ADN-S, des recombinaisons et réarrangements entre isolats et la présence d'ADN satellite uniquement associé aux isolats du groupe Asiatique (Kumar *et al.*, 2015; Stainton *et al.*, 2015b). En général, la diversité génétique des isolats de BBTv dans un pays est très faible les études menées en Inde (Vishnoi & Krishna, 2009) , au Pakistan; en Afrique (Kumar *et al.*, 2011 ; Adegbola *et al.*, 2013).

Tableau 2 : Représentation des différents Groupes de BBTv

Continent	Groupe De BBTv	Pays
Afrique	Pacifique – Océan Indien (PIO)	Angola, Benin, Burundi, Cameroun, Congo, DRC, Egypte, Guinée Equatoriale, Gabon, Malawi, Nigeria Rwanda, Zambie
Asie	Pacifique – Océan Indien (PIO)	Inde, Pakistan, Sri Lanka, Myanmar, Bangladesh.
Australie	Pacifique – Océans Indiens (PIO)	Australie
Sud Pacifique	Pacifique – Océans Indiens (PIO)	Hawaii, South Pacific islands (Fiji, Tonga, etc)
Asie	Asie du Sud-Est (SEA)	Taiwan, Chine, Japon, Philippines, Indonesie, Vietnam, Thailand

L'analyse de la séquence basée sur l'ADN-R des isolats de BBTv de l'Afrique subsaharienne, regroupée pour former une sous-lignée unique au sein du groupe PIO, suggère une origine commune pour les isolats de l'Afrique subsaharienne (Kumar *et al.*, 2011). Ainsi, des indices sur l'origine et le mode de propagation du virus BBTv sont basées sur l'analyse du génome viral. Les études de Kumar (2015) basées sur les rapports ultérieurs de présence de BBTv en Afrique en regardant la configuration de l'arbre phylogénétique (Figure 9) montrent qu'il y a une possibilité que le BBTv ait été introduite en Afrique en deux événements distincts, le premier en Afrique du Nord du côté de l'Egypte et le second en Afrique subsaharienne. Et ces deux introductions ont contribué à la propagation du virus. En effet, le virus a été rapporté pour la première fois en Egypte en 1901 dans l'arbre phylogénétique, l'isolat de l'Egypte était plus proche des isolats d'Australie et Fidji que ceux d'Afrique Subsaharienne. Par contre en 1950, le virus a été rapporté au Congo (RDC) dans la région de Kisangani par l'introduction du matériel infecté offert en cadeau (Kumar *et al.*, 2011 ; Adegbola *et al.*, 2013). D'autres rapports de BBTv ont été signalés ultérieurement dans les pays voisins de la RDC (République centrafricaine, Congo Brazzaville, Gabon, Guinée équatoriale, Rwanda, Burundi, nord de l'Angola et nord de la Zambie) indiquant une dissémination du virus par le mouvement des humains et du matériel végétal infecté (Kumar *et al.*, 2011) (Figure 7).

L'Abaca bunchy top virus (ABTV, genre Babuvirus) a été utilisée comme Outgroup. Les chiffres aux nœuds des arbres représentent les valeurs des probabilités a posteriori bayésiennes. Les isolats de l'Afrique subsaharienne sont indiqués en gras (Kumar *et al.*, 2011).

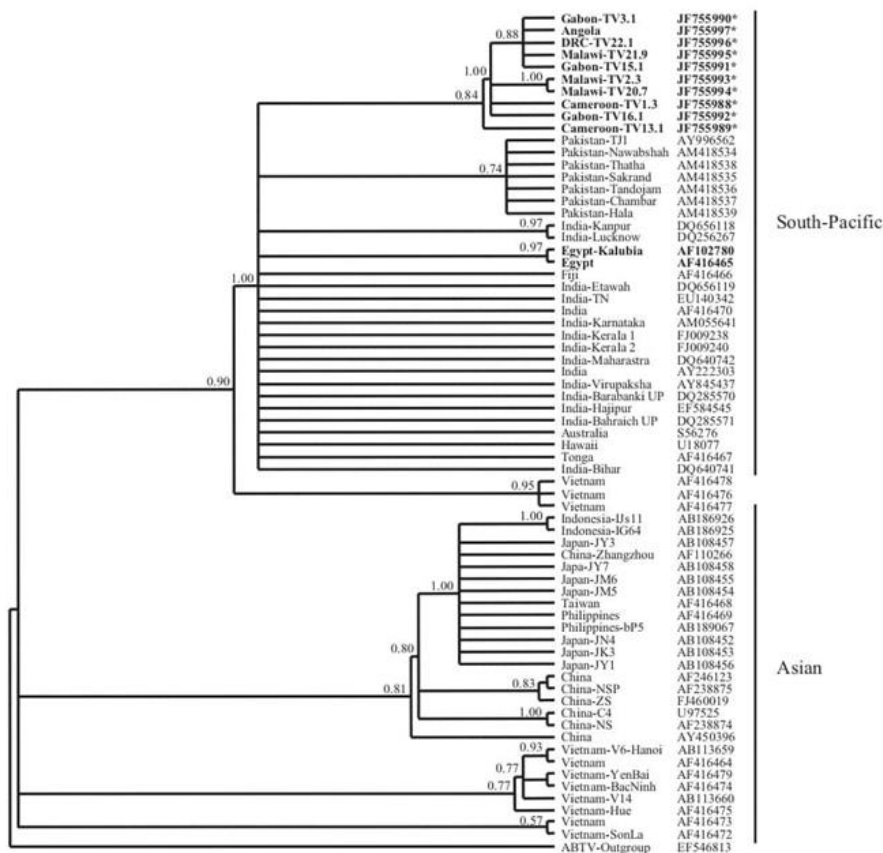


Figure 8: Arbre phylogénique montrant les relations phylogénétiques basées sur l'ADN-S

Cet Arbre phylogénique montre les relations phylogénétiques basées sur l'ADN-S codant pour la protéine de capsid entre 11 isolats de BBTV d'Afrique subsaharienne (ASS) et 43 isolats d'autres régions. Les relations phylogénétiques ont été déduites à l'aide de la méthode bayésienne basée sur l'évolution, tandis que les paramètres du modèle évolutif ont été déterminés à l'aide de DT-ModSel (Minin et al., 2003). La séquence correspondante de l'Abaca bunchy top virus (ABTV, genre Babuvirus) a été utilisée comme Outgroup. Les chiffres aux nœuds des arbres représentent les valeurs des probabilités a posteriori bayésiennes. Les isolats de l'Afrique subsaharienne sont indiqués en gras (Kumar et al., 2011).

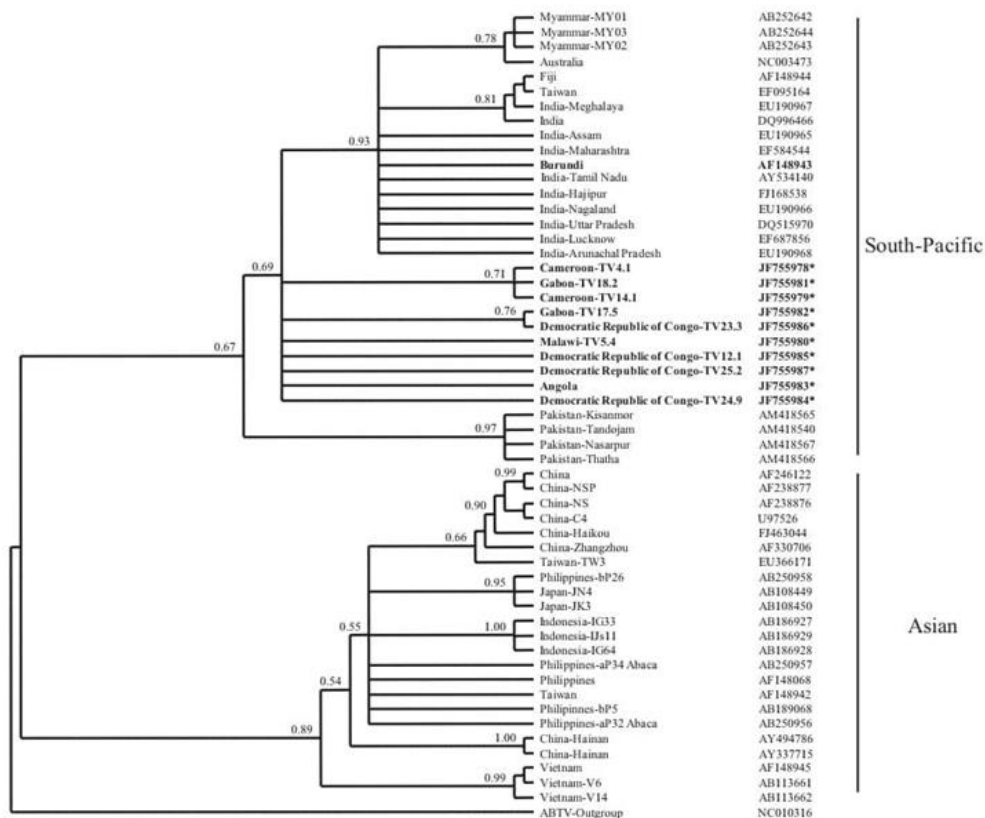


Figure 9: Arbre phylogénétique montrant les relations phylogénétiques basées sur l'ADN-R

Cet Arbre phylogénétique montre les relations phylogénétiques basées sur l'ADN-R codant pour la protéine réplicase entre 12 isolats de BBTV provenant d'Afrique subsaharienne (ASS) et 56 isolats provenant d'autres régions. Les relations phylogénétiques ont été déduites à l'aide de la méthode bayésienne basée sur l'évolution, tandis que les paramètres du modèle évolutif ont été déterminés à l'aide de DT-ModSel (Minin et al., 2003). La séquence correspondante de l'Abaca bunchy top virus (ABTV, genre Babuvirus) a été utilisée comme outgroup. Les chiffres aux nœuds des arbres représentent les valeurs des probabilités a posteriori bayésiennes. Les isolats de l'Afrique subsaharienne sont indiqués en gras (Kumar et al., 2011).

Stratégies de lutte contre BBTV et le contexte local

Contrôle et gestion de la maladie

Ces dernières années l'extension de la maladie du bunchy top des bananiers devient de plus en grandissante dans plusieurs pays. Pour protéger la culture du bananier, des mesures de gestion du BBTD peuvent être mise en place à plusieurs niveaux. En effet, le BBTV cause des pertes énormes sur la

culture du bananier si les moyens ne sont pas mis en place pour les mesures de gestion.

Plusieurs approches sont utilisées telles que l'utilisation de techniques mécaniques comme l'éradication qui consiste à l'arrachage et la destruction systématique des plants atteints.

L'utilisation des matériels de plantation certifiée constitue aussi un moyen de limitation dans les zones touchées. En effet, il faut la disponibilité des plants exempts de virus issue de la technique *in vitro* pour distribuer ou vendre aux producteurs de bananier et plantain dans les zones touchées par la maladie. Ces plantes exemptes de maladies sont utilisées comme souches mères pour la propagation massive de matériel végétal sain (Su *et al.*, 2007). Cette approche soutenue par des systèmes de certification est déjà acceptée pour la lutte contre les maladies dans de nombreux pays d'Asie, en Australie et à Hawaï (Kumar *et al.*, 2015). Les mêmes auteurs confirment que dans certains pays comme l'Inde, des foyers récurrents dans les champs d'agriculteurs ont conduit à la formulation et l'application stricte de systèmes de certification, et des unités de production commerciale ont été accréditées pour la production des plants certifiés issus de la culture des tissus (*in vitro* plants). Cette approche n'existe pas dans de nombreux pays d'Afrique subsaharienne où il n'existe pas de loi, de lignes directrices ou de systèmes de certification pour la production du matériel sain et cela accroît le risque de propagation du virus par le mouvement non réglementé et non certifié du matériel végétal d'une région à une autre, d'un pays à un autre.

La lutte chimique peut aussi se faire par l'utilisation des insecticides systémiques contre l'agent vecteur *Pentalonia nigronervosa*. Mais l'utilisation des pesticides pour la lutte est préventive pour empêcher leur propagation à partir des plants arrachés ou détruits pendant les programmes d'éradication (Hooks *et al.*, 2009). L'injection d'herbicides peut aussi être utilisée pour tuer les plants infectés. L'association d'herbicides et insecticide est recommandée pour tuer la plante et les pucerons sur les plants traités (Robson *et al.*, 2006). Mais ce sont des méthodes coûteuses pour beaucoup d'agriculteurs. Car les coûts des pesticides et les préoccupations de leurs effets résiduels sur la santé et l'environnement ne favorisent pas souvent leur utilisation.

Jusqu'à présent, il n'existe pas de cultivars de bananier totalement résistants au BBTv. Mais les études montrent que certains cultivars avec le génome B (AAB et ABB) sont tolérants ou expriment des symptômes lentement que ceux du génome A (AA et AAA), à l'exemple de Cavendish (Espino *et al.*, 1993; Ngatati *et al.*, 2013). L'évaluation de plusieurs cultivars de bananier et plantain en Afrique et Asie ont permis de voir une tolérance du BBTv manifestée par un taux d'infection faible ou lent. Mais certains cultivars se sont avérés aussi très sensibles au BBTv mais avec des différences dans la gravité des symptômes. Dans le cadre de la lutte du BBTv, les cultivars

tolérants doivent être utilisés pour la production en masse du matériel végétale de plantation à distribuer ou à vendre. Il faut aussi encourager la recherche du développement des variétés résistantes au BBTv pour contribuer aussi à la gestion de la maladie

Les programmes de formation et de sensibilisation des agriculteurs doivent être mis en place. Des programmes d'éducation et de suivi des planteurs ont aussi de l'impact pour contrôler l'extension du BBTD. Il s'agit de former les agriculteurs sur les symptômes et les méthodes de détections et les meilleures pratiques de gestion du BBTv.

La gestion du BBTv est un défi complexe, mais elle est cruciale pour maintenir la productivité et la durabilité de l'industrie de la banane. Elle repose sur une combinaison de mesures préventives, de contrôle des vecteurs, et de surveillance pour minimiser l'impact de cette maladie virale sur les plantations de bananes.

Il est important de noter que la distribution exacte de la maladie peut varier au fil du temps en raison de facteurs tels que la propagation des insectes vecteurs, les mesures de contrôle mises en place et les changements dans les pratiques agricoles. Les autorités agricoles de chaque pays où la maladie est présente travaillent généralement à la surveillance, à la prévention et à la gestion de la maladie pour protéger l'industrie de la banane. Certains pays et régions ont pris des mesures phytosanitaires strictes sur le BBTv qui est considéré comme une menace sérieuse.

Le tableau 4 présente la classification du *Banana bunchy Top Virus* (BBTV) dans différents pays et organisations phytosanitaires régionales d'après le site EPPO (2025) EPPO Global Database. A l'analyse de ce tableau le virus peut être classé en liste A1 (Organisme de quarantaine absent du pays, nécessitant des mesures strictes pour empêcher son introduction) ou A2 (Organisme de quarantaine présent, mais sous surveillance et nécessitant des mesures de contrôle pour limiter sa propagation) ou comme organisme de quarantaine (Organisme réglementé en tant que ravageur de quarantaine sans spécifier s'il est A1 ou A2).

Tableau 3 : Classification phytosanitaire du BBTv en fonction des pays ou Organisations régionales

Pays/ Organisation régionale	Indicatif	Code ISO	Année
Egypte	EG	Liste A2	2018
Maroc	MA	Organisme de quarantaine	2018
Argentine	AR	Liste A1	2019
Brésil	BR	Liste A1	2018
Mexique	MX	Organisme de quarantaine	2018
Paraguay	PY	Liste A1	1995
Bahrain	BH	Liste A1	2003
Iran	IR	Liste A1	2018
Israel	IL	Organisme de quarantaine	2009
Jordan	JO	Liste A1	2013

Turquie	TR	Liste A1	2016
APPPC	9B	Liste A2	1988
COSAVE	9D	Liste A2	2018
IAPSC	9E	Liste A2	1989
PPPO	9K	Liste A2	1993

Le BBTv est en liste A1 (organisme absent mais sous surveillance) en Argentine, Brésil, Paraguay, Bahreïn, Iran, Jordanie, et Turquie.

Le BBTv est en liste A2 (déjà présent mais sous contrôle) en Égypte et dans plusieurs organisations régionales (**APPPC** (Asia and Pacific Plant Protection Commission ou Commission de Protection des Plantes pour l'Asie et le Pacifique (Pays de la région Asie et le Pacifique)), **COSAVE** (Comité de la Santé Végétale du Cône Sud (Amérique du Sud)), **IAPSC** (Inter-African Phytosanitary Council ou Conseil Phytosanitaire Interafricain, sous l'Union Africaine), **PPPO** (Pacific Plant Protection Organization ou Organisation de Protection des Plantes du Pacifique (région Pacifique))). Ces organisations régionales jouent un rôle clé dans la surveillance, la prévention et la gestion des maladies des plantes, y compris le BBTv, en fonction des risques spécifiques à leur région. Le fait que plusieurs d'entre elles classent le BBTv en liste A2 montre que le virus est déjà présent dans certaines zones sous leur juridiction, nécessitant des mesures de contrôle et de confinement.

Certains pays comme le Maroc, le Mexique et Israël classent le BBTv comme un ravageur de quarantaine, sans préciser s'il est A1 ou A2.

Situation du BBTv au Gabon

Au Gabon, les premiers symptômes de la maladie virale du bunchy top des bananiers (BBTD) ont été observés en 1978, dans les plantations industrielles de bananiers plantains du Centre de FAO de N'Toum (province de l'Estuaire (G1) (Fouré et Manser, 1982). D'après les mêmes auteurs, aucun symptôme n'avait été relevé au Nord du Gabon (frontière camerounaise et équato-guinéenne) et au Sud –Est (frontière du Congo). Ils ont conclu qu'il existait deux possibilités d'introduction de cette maladie au Gabon : du Congo où la maladie était présente depuis 1958 ou suite à une introduction par des taïwanais qui travaillaient sur le riz et qui ont apporté des rejets infectés de bananiers. Il n'y a plus eu d'autres études sur cette maladie dans ce pays jusqu'en 2009 où les chercheurs ont réalisé des enquêtes de terrain dans quatre provinces du Gabon : Woleu Ntem (G9), Moyen Ogooué (G3), Estuaire (G1) et Ngounié (G4). Les résultats ont montré la présence de la maladie donc les trois provinces en dehors de Ngounié (G4). Durant ces enquêtes, 224 échantillons ont été prélevés et 74 étaient positifs au BBTv, soit une prévalence de 23% (Kumar *et al.*, 2011). Ces investigations n'ont pas été faites seulement dans ce pays mais dans d'autres pays de la sous-région. Depuis lors

le Gabon est impliqué dans plusieurs programmes de gestion et contrôle du BBTv sur le plan national et international. Des dernières campagnes de sensibilisation ont été mises en place comme celle en date de juillet 2017 dans le cadre d'un projet de la FAO et l'Etat Gabonais : projet TCP/SFC/3503 « Appui à la prévention et la gestion de la Maladie du Bunchy Top du Bananier (BBTD) au Cameroun, en Guinée Equatoriale et au Gabon » où des enquêtes de terrain ont été conduites pendant la période allant du 25 avril au 23 juillet 2016, dans les neuf (9) provinces du Gabon (<http://www.fao.org/africa/news/detail-news/fr/c/903078/>) et qui ont permis de récolter les échantillons analysés dans cette étude. Les résultats de ces enquêtes montrent que sur les 258 champs prospectés, la prévalence de la maladie était de 27,9% car le BBTD a été observé sur 8 provinces parmi les 9 que compte le pays et où les enquêtes ont été effectuées (ANDEIME EYENE Myrianne Flore, 2017, résultats non publiés).

Discussion

L'analyse de la littérature sur le Banana bunchy top virus (BBTV) met en évidence l'ampleur des menaces que représente cette maladie pour la culture du bananier, tant en Afrique qu'à l'échelle mondiale. Les symptômes caractéristiques du BBTD, bien décrits par plusieurs auteurs (Caruana, 2003 ; Tripathi et al., 2016), constituent un outil essentiel pour l'identification précoce, mais leur variabilité selon les génomes de bananiers (*Musa acuminata* versus hybrides à génome B) peut parfois compliquer parfois le diagnostic visuel. Cela explique l'importance des méthodes moléculaires modernes, telles que la PCR et le LAMP, qui garantissent une détection rapide et fiable même dans les cas d'infections latentes.

Sur le plan biologique et taxonomique, le BBTV, appartenant au genre *Babuvirus* (famille *Nanoviridae*), présente un génome multipartite (Stainton et al., 2015) qui favorise une grande diversité génétique. Plusieurs études ont montré l'existence de clades géographiques distincts, ce qui reflète à la fois l'histoire évolutive du virus et les échanges commerciaux de matériel végétal contaminé. Cette diversité soulève la question de l'adaptation du virus à de nouvelles variétés et milieux écologiques, un point qui reste encore insuffisamment exploré en Afrique.

Concernant l'agent vecteur, *Pentalonia nigronervosa* demeure le principal responsable de la transmission du BBTV, mais les études suggèrent des différences d'efficacité de transmission selon les populations de pucerons et les conditions environnementales. Cela ouvre des perspectives sur la nécessité de mieux comprendre les dynamiques entre vecteur, hôte et virus pour améliorer les stratégies de lutte.

Sur le plan épidémiologique, la littérature converge pour montrer que une progression rapide de la maladie dans les zones de monoculture et où le

matériel végétal infecté est échangé sans contrôle. L'éradication réussie dans certains pays (par exemple en Togo) montre cependant qu'une gestion rigoureuse combinant utilisation de plants sains, surveillance stricte et destruction des foyers infectés peut réduire fortement la prévalence. Toutefois, dans des pays comme le Gabon, les données restent fragmentaires, ce qui complique l'évaluation de l'ampleur réelle de la maladie.

La distribution mondiale du BBTV, désormais établie sur plusieurs continents, confirme qu'il s'agit d'un problème phytosanitaire global. Sa présence en Afrique centrale, longtemps sous-estimée, doit être considérée comme un signal d'alerte pour renforcer les politiques phytosanitaires régionales.

Enfin, en matière de contrôle et de gestion, la littérature montre un consensus sur l'efficacité limitée des approches isolées. La lutte intégrée, incluant la gestion du vecteur, l'utilisation de matériel végétal certifié, les campagnes de sensibilisation et, à long terme, le développement de variétés résistantes, apparaît comme la voie la plus prometteuse. Néanmoins, l'absence de solutions curatives et la difficulté d'appliquer les mesures de quarantaine dans les systèmes agricoles traditionnels constituent des défis majeurs.

Ainsi, cette synthèse souligne que, malgré les avancées scientifiques notables sur le BBTV, de nombreuses lacunes subsistent : compréhension incomplète de la diversité virale en Afrique, manque de données épidémiologiques locales, et faible mise en œuvre de programmes coordonnés de lutte. Ces lacunes offrent autant de perspectives de recherche pour améliorer durablement la gestion de cette maladie et limiter ses impacts socio-économiques.

Conclusion

L'étude a révélé que *Banana Bunchy Top Virus* (BBTV) est un pathogène viral majeur du bananier, responsable de la maladie du Bunchy Top (BBTD). Cette maladie cause des dégâts drastiques sur la culture du bananier de façon générale. Au cours de nos recherches, les résultats ont montré que ce virus se transmet un Puceron appelé *Pentolonia nigronervosa* qui favorise la dissémination du virus. En effet, l'étude de la biologie et la taxonomie du BBTV est cruciale pour comprendre son cycle de vie, son interaction avec son hôte et son vecteur et même développer des stratégies de lutttes adaptées. Il appartient à la famille des *Nanoviridae*, genre *Babuvirus*. Son génome est composé d'ADN circulaire segmenté qui se compose de plusieurs segments génomiques, ce qui lui confère une grande capacité d'adaptation et de propagation (Iskra-Caruana, 2003).

Les bananiers du genre *Musa* et *Ensete* sont les seuls hôtes connus du BBTV. La maîtrise de la transmission et de la propagation du BBTV repose sur des stratégies de lutte intégrée, incluant l'élimination des plantes infectées,

le contrôle des populations d'aphides et l'utilisation de plants sains pour limiter l'expansion de la maladie. En effet, les méthodes de diagnostics existent en laboratoire (l'amplification de l'ADN viral par PCR et l'utilisation de techniques sérologiques qui ne sont accessibles facilement) ou sur le terrain (diagnostics visuels). Le virus est largement répandu dans de nombreuses régions tropicales et subtropicales, affectant particulièrement les cultures de subsistance et les filières commerciales de la banane. Sa dynamique varie selon les régions. Sa distribution couvre l'Afrique, l'Asie, l'Océanie et certaines parties de l'Amérique, rendant sa gestion un défi international. Différentes souches ont été identifiées dans certaines régions montrant que le virus est divisé en deux grands groupes phylogénétiques majeurs : le groupe Pacifique - Océans Indiens (PIO) et le Groupe Asie du Sud-Est (SEA) (Kumar *et al.*, 2011). Tous les isolats d'Afrique sont dans le groupe PIO. Ces résultats montrent qu'il n'y a pas eu plusieurs introductions du virus en depuis son introduction en Egypte (Kumar *et al.*, 2011). Cette diversité constitue un défi supplémentaire pour le développement de stratégies de lutte efficaces.

En matière de contrôle et de gestion du BBTv, plusieurs approches ont été mises en place, incluant la prévention, la détection précoce par l'éradication des plants infectés, l'usage de matériel végétal sain, la lutte contre les vecteurs et l'application de mesures de quarantaine. L'introduction de variétés résistantes et les avancées biotechnologiques offrent des perspectives prometteuses, bien que leur mise en œuvre reste encore limitée. A cet effet, une coopération entre chercheurs, agriculteurs et autorités phytosanitaires pour appliquer des mesures adaptées à chaque région est à établir.

Cette synthèse bibliographique permet une meilleure compréhension sur la situation de *Banana bunchy top virus* et peut être un outil d'aide à la décision pour la gestion et le contrôle de la maladie du bunchy top des bananiers.

Conflit d'intérêts : Les auteurs n'ont signalé aucun conflit d'intérêts.

Disponibilité des données : Toutes les données sont incluses dans le contenu de l'article.

Déclaration de financement : Les auteurs n'ont obtenu aucun financement pour cette recherche.

References:

1. Adegbola, R. O., Ayodeji, O., Awosusi, O. O., Atiri, G. I., & Kumar, P. L. (2013). First Report of Banana bunchy top virus in Banana and Plantain (*Musa* spp.) in Nigeria. *Plant Disease*, 97(2), 290–290.

<https://doi.org/10.1094/PDIS-08-12-0745-PDN>

2. Allen, R.N.B., Barnier, N. C. (1977). The spread of bunchy top disease between banana plantation in the tweed rivers district during 1975-1976 in NSW. Gouvernement Document, pp 27–28.
3. Allen, R. (1987). Further studies on epidemiological factors influencing control of banana bunchy top disease and evaluation of control measures by computer simulation. *Crop & Pasture Science*, 38, 373–382.
4. Allen, R. N. (1978). Epidemiological Factors Influencing the Success of Roguing for the Control of Bunchy Top Disease of Bananas in New South Wales. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29(3): 535-544
5. Anhalt, M. D., & Almeida, R. P. P. (2008a). Effect of temperature, vector life stage, and plant access period on transmission of banana bunchy top virus to banana. *Phytopathology*, 98(6), 743–748. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-98-6-0743>
6. Banerjee, A., Roy, S., Behere, G. T., Saikat, S., Kumar, S., & Ngachan, S. V. (2014). Identification and characterization of a distinct banana bunchy top virus isolate of Pacific-Indian Oceans group from North-East India. *Virus Research*, 183: 41–49. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2014.01.017>
7. Bressan, A., & Watanabe, S. (2011). Immunofluorescence localisation of Banana bunchy top virus (family Nanoviridae) within the aphid vector, *Pentalonia nigronervosa*, suggests a virus tropism distinct from aphid-transmitted luteoviruses. *Virus Research*, 155(2): 520–525. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2010.12.005>
8. Caruana, M.-L. (2003). Analyse du Risque Phytosanitaire (ARP): Banana bunchy top babuvirus - BBTV. *Rapport Agriculture.Gouv.Fr*, 1–31.
9. Caruana, M. L. (2003). Analyse du Risque Phytosanitaire (ARP): Banana streak badnavirus - BSV. *Rapport CIRAD*, 1–27. <https://doi.org/http://agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/BAN-c2.pdf>
10. Chen, Y., & Hu, X. (2013). High-throughput detection of banana bunchy top virus in banana plants and aphids using real-time TaqMan® PCR. *Journal of Virological Methods*, 193(1): 177–183. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2013.06.013>
11. Dale, L. J. 1987. (1987). Banana bunchy top : An Economically important tropical plant virus disease. *Advances in Virus Research*, 33: 301–325.
12. Drew, R. A., Moisander, J. A., & Smith, M. K. (1989). The transmission of banana bunchy-top virus in micropropagated bananas. *Plant cell, tissue and organ culture*, 16(3) : 187-193.

13. Drew, R. A., Moisaner, J. A., & Smith, M. K. (1992). The transmission of banana bunchy top virus in micropropagated bananas. *Plant Cell Tissue Organ Cult.*, 28 : 203–205.
14. Elayabalan, S., Subramaniam, S., & Selvarajan, R. (2014). Banana bunchy top disease (BBTD) symptom expression in banana and strategies for transgenic resistance: A review. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 27: 55–74.
<https://doi.org/10.9755/ejfa.v27i1.19197>
15. Espino, R. R. C., Johns, A. P., Juanillo, C., & Magnaye, L. (1993). Evaluation of Philippine banana cultivars for resistance to bunchy-top and fusarium wilt. *Proceedings of International Symposium on Recent Developments in Banana Cultivation Technology. ASPNET Book Series*, 89–102.
16. Fouré, E., & Manser, P. D. (1982). Note sur l'apparition au Gabon d'une grave maladie virale des bananiers et plantains: le bunchy top. *Fruits*, 37 : 409–414.
17. Geering, A. D. W., & Thomas, J. E. (1997). Search for alternative hosts of banana bunchy top virus in Australia. *Australasian Plant Pathology*. 26: 250–254.
18. Hafner, G. J., Harding, R. M., & Dale, J. L. (1995). Movement and transmission of banana bunchy top virus DNA component one in bananas. *Journal of General Virology*. 2279–2285.
19. Haible, D., Kober, S., & Jeske, H. (2006). Rolling circle amplification revolutionizes diagnosis and genomics of geminiviruses. *Journal of Virological Methods*. 135: 70550.
<https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2006.01.017>
20. Hooks, C. R. R., Manandhar, R., Perez, E. P., & Wang, K. (2009). Comparative Susceptibility of Two Banana Cultivars to *Banana Bunchy Top Virus* Under Laboratory and Field Environments. *Journal of Economic Entomology*. 102(3), 8.
21. HU, J. S., WANG, M., SETHER, D., XIE, W., & LEONHARDT, K. W. (1996). Use of polymerase chain reaction (PCR) to study transmission of banana bunchy top virus by the banana aphid (*Pentalonia nigronervosa*). *Annals of Applied Biology*, 128(1) : 55–64.
<https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1996.tb07089.x>
22. Iskra-Caruana, M.-L., F. Lheureux, et P.-Y. T. (2003). Les pararétrovirus endogènes (EPRV), voie nouvelle de transmission des virus de plantes. *Virologie* 7, 255–265.
23. Islam, M.N., Naqvi, A.R., Jan, A.T., & Haq., Q. M. (2010). Genetic Diversity and Possible Evidence of Recombination among Banana Bunchy Top Virus (BBTV) Isolates. *International Research Journal of Microbiology*, 1 : 1–12.

24. Karan, M., Harding, R. M. ., & Dale, J. L. (1994). Evidence for two groups of banana bunchy top virus isolates. *Journal of General Virology*, 75 : 3541–3546.
25. Kumar, P. L., Hanna, R., Alabi, O. J., Soko, M. M., Oben, T. T., Vangu, G. H. P., & Naidu, R. a. (2011). *Banana bunchy top virus* in sub-Saharan Africa: investigations on virus distribution and diversity. *Virus Research*, 159(2): 71–182. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2011.04.021>
26. Kumar, P. L., Selvarajan, R., Iskra-Caruana, M. L., Chabannes, M., & Hanna, R. (2015). Biology, etiology, and control of virus diseases of banana and plantain. *Advances in Virus Research*, 91(1): 226–269. <https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2014.10.006>
27. Magee, C. J. P. (1927). Investigation on the bunchy top disease of the banana. *Bulletin of the Council for Scientific and Industrial Research in Australia*, 30, 86.
28. Minin, V., Abdo, Z., Joyce, P., & Sullivan, J. (2003). Performance-Based Selection of Likelihood Models for Phylogeny Estimation. *Systematic Biology*, 52(5) : 674–683. <https://doi.org/10.1080/10635150390235494>
29. Mori, Y., & Notomi, T. (2009). Loop-mediated isothermal amplification (LAMP): a rapid , accurate , and cost-effective diagnostic method for infectious diseases. *Journal of Infection and Chemotherapy*, 15(2) : 62–69. <https://doi.org/10.1007/s10156-009-0669-9>
30. NGATAT, E. S. (2017). Banana bunchy top disease in cameroon: monitoring of the vector pentalonina nigronervosa (hemiptera: aphididae) and disease epidemiology. University of Dschang. P.130
31. Notomi, T., Okayama, H., Masubuchi, H., Yonekawa, T., Watanabe, K., Amino, N., & Hase, T. (2000). Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Research* 28(12): e63-e63
32. Opina, O., & Milloren, H. (1996). Dynamics of banana bunchy top within commercial populations of banana (Musa sp.) cv Lakatan. *Philippine Phytopathol Ogy*, 32: 75–82.
33. Peng, J., Zhang, J., Xia, Z., Li, Y., Huang, J., & Fan, Z. (2012). Rapid and sensitive detection of Banana bunchy top virus by loop-mediated isothermal amplification. *Journal of Virological*. 185 : 2012.
34. Pietersen, G., & Thomas, J. E. (2003). Overview of Musa virus diseases. *Plant Virology in Sub-Saharan Africa: Proceedings of a Conference Organized by IITA: 4-8 June 2001, International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria*, p. 50.
35. Rahmah, S., Maryana, N., & Hidayat, P. (2021). Host preference of Pentalonina nigronervosa Coquerel and P . caladii van der Goot (

- Hemiptera : Aphididae) on various host plants. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*. P.694.
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/694/1/012050>
36. Ram, R., & Summanwar, A. (1984). Colocasia esculenta (L) Schott: a reservoir of bunchy top disease of banana. *Current Science*, 53 : 145–146.
 37. Robson, J. D., Wright, M. G., Almeida, R. P. P., Robson, J. D., & Wright, M. G. (2006). Within-Plant Distribution and Binomial Sampling of Pentalonis nigronevosa (Hemiptera : Aphididae) on Banana. *Journal of Economic Entomology*. 99(6) : 2185–2190.
 38. Selvarajan, R., & Balasubramanian, V. (2014). Host – virus interactions in banana-infecting viruses. In *Plant Virus-Host Interaction: Molecular Approaches and Viral Evolution*. pp 57-77.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-411584-2.00003-2>
 39. Selvarajan, R., Balasubramanian, V., Dayakar, S., Sathaimoorthy, S., & Ahlawat, Y. S. (2010). Evaluation of immunological and molecular techniques for the detection of different isolates of Banana bunchy top virus in India. *Indian Phytopathology*, 63(3), 333–336.
 40. Sharman, M., Thomas, J. E., Skabo, S., & Holton, T. A. (2008). ' bunchy top virus ', a new member of the genus Babuvirus Abaca (family Nanoviridae). *Archives of virology*. 153: 135–147.
<https://doi.org/10.1007/s00705-007-1077-z>
 41. Smith, M. C., Holt, J., Kenyon, L., & Foot, C. (1998). Quantitative epidemiology of Banana Bunchy Top Virus Disease and its control. *Plant Pathology*, 47(2), 177–187. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1998.00230.x>
 42. Stainton, D., Martin, D. P., Muhire, B. M., Lolohea, S., Halafihi, M., Lepoint, P., Blomme, G., Crew, K. S., Sharman, M., Krabberger, S., Dayaram, A., Walters, M., Collings, D. A., Mabvakure, B., Lemey, P., Harkins, G. W., Thomas, J. E., & Varsani, A. (2015a). The global distribution of *Banana bunchy top virus* reveals little evidence for frequent recent, human-mediated long distance dispersal events. *Virus Evolution*, 1(1) : 1-16. <https://doi.org/10.1093/ve/vev009>
 43. Su, H., Hwang, A., Lee, S., & Chao, C. (2007). Conservation, Disease-indexing and Utilization of Pathogen-free Citrus and Banana Genetic Resources in Taiwan. *International Training-Workshop: The Conservation and Utilization of Tropical/Subtropical Plant Genetic Resource*. pp 1–24.
 44. Thomas, J.E., Iskra-Caruana, M.-L. (2000). Consultancy on the eradication of BBTV in New Caledonia. *Rapport Cirad Montpellier, France*, pp 1–25.
 45. Thomas, J. E., & Dietzgen, R. G. (1991). Purification, characterization

- and serological detection of virus-like particles associated with banana bunchy top disease in Australia. *Journal of General Virolog.* pp 217–224.
46. Thomas, J. E., & Jones, M. I. D. R. (1994). Maladies des Musa - Fiche technique n ° 4. La maladie du Bunchy top du Bananier. *inibap.* .
47. Tripathi, S., Patil, B. L., & Verma, R. (2016). Viral Diseases of Banana and Their Management. *Plant Viruses: Evolution and Management.* pp. 289–308. <https://doi.org/10.1007/978-981-10-1406-2>
48. Vishnoi, R., & Krishna, A. S. (2009). Molecular characterization of an Indian isolate of Banana bunchy top virus based on six genomic DNA components. *Virus Genes.* pp 334–344. <https://doi.org/10.1007/s11262-009-0331-8>
49. Yu, N., Zhang, Y., Feng, T.-C., Wang, J.-H., Kulye, M., Yang, W.-J., Lin, Z.-S., Xiong, Z., & Liu, Z.-X. (2012). Cloning and sequence analysis of two banana bunchy top virus genomes in Hainan. *Virus Genes.* pp 488–494. <https://doi.org/10.1007/s11262-012-0718-9>