

## Deteksi Virus yang Menginfeksi Kedelai di Jawa

### Detection of Viruses Infecting Soybean in Java

Yunita Fauziah Rahim\*, Tri Asmira Damayanti, Munif Ghulamahdi  
Institut Pertanian Bogor, Bogor 16680

#### ABSTRAK

Infeksi virus merupakan salah satu kendala produksi kedelai. Penelitian dilakukan untuk mendeteksi infeksi virus pada beberapa pertanaman kedelai di Jawa. Sampel daun diambil secara acak sebanyak 50 tanaman dari tiap lokasi pertanaman kedelai di Bogor, Cirebon, Bantul, dan Ponorogo. Pengamatan dilakukan terhadap gejala yang ditemukan di lapangan dan insidensi penyakit ditentukan secara serologi menggunakan antibodi *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Soybean mosaic virus* (SMV), *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV), dan *Bean pod mottle virus* (BPMV). Insidensi CMV, SMV, dan CPMMV berturut-turut berkisar 72–84%, 14–24%, dan 6–8%; sedangkan infeksi BPMV tidak ditemukan. Pita DNA spesifik CMV, *Potyvirus*, dan *Geminivirus* berhasil diamplifikasi berturut-turut menggunakan primer spesifik gen protein selubung CMV, primer universal *Potyvirus* dan *Geminivirus*. Hasil sikuensing menunjukkan bahwa homologi CMV tertinggi adalah terhadap CMV galur S asal Bogor (99%), homologi *Potyvirus* tertinggi terhadap BCMV isolat kacang hijau asal Cina dan galur *Blackeye* asal Vietnam (90%), dan homologi *Geminivirus* tertinggi terhadap *Pepper yellow leaf curl virus* (PYLCV) asal Bogor dan Jawa (96%). Analisis filogenetika menunjukkan bahwa CMV-S berada dalam satu kelompok dan terpisah dari CMV galur lainnya. BCMV pada kedelai dalam penelitian ini membentuk kelompok terpisah dari BCMV asal negara lain, sedangkan PYLCV isolat kedelai membentuk satu kelompok dengan PYLCV Bogor dan Jawa.

Kata kunci: *Cucumber mosaic virus*, *Soybean mosaic virus*, *Cowpea mild mottle virus*,  
*Pepper yellow leaf curl virus*

#### ABSTRACT

Virus infection is an important production constraint for soybean. Research was conducted to detect virus infection from soybean samples collected from several locations in Java. Leave samples from 50 plants was taken randomly from each location in Bogor, Cirebon, Bantul, and Ponorogo. Field symptoms was observed and disease incidence was determined based on serological assay using specific antibodies to *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Soybean mosaic virus* (SMV), *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV), and *Bean pod mottle virus* (BPMV). Incidence of CMV, SMV, and CPMMV was 72–84%, 14–24%, and 6–8%, respectively; whereas infection of BPMV was not found. Specific viral DNA of CMV, *Potyvirus*, and *Geminivirus* was successfully amplified using specific primer for CMV coat protein, universal primer for *Potyvirus* and *Geminivirus*, respectively. Nucleotide sequence analysis showed that isolate CMV from soybean has the highest homology (99%) to CMV strain S, *Potyvirus* isolates has the highest homology (90%) to BCMV isolate Mungbean from China and BCMV strain *Blackeye* from Vietnam, and *Geminivirus* isolates has the highest homology (96%) to *Pepper yellow leaf curl virus* (PYLCV) from Bogor and Java. Phyllogenetic analysis showed that CMV strain S formed

\*Alamat penulis korespondensi: Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor, Jalan Kamper, Kampus Darmaga IPB, Bogor 16680  
Tel: 0251-8629364, Faks: 0251-8629362, Surel: [itha\\_pertanian@yahoo.com](mailto:itha_pertanian@yahoo.com)

a distinct group from other strains of CMV, BCMV from soybean in Java was in separate group from BCMV from other countries, while PYLCV isolate soybean was in the same group with PYLCV from Bogor and Java.

Key words: *Cucumber mosaic virus*, *Soybean mosaic virus*, *Cowpea mild mottle virus*, *Pepper yellow leaf curl virus*

## PENDAHULUAN

Kedelai (*Glycine max*) merupakan salah satu komoditas penting di Indonesia, selain dapat dijadikan sebagai bahan konsumsi pangan juga dimanfaatkan sebagai bahan baku industri olahan. Pemanfaatan kedelai yang cukup tinggi belum diikuti dengan produksi yang mencukupi, bahkan cenderung terjadi penurunan dari tahun ke tahun. BPS (2013) melaporkan terjadinya penurunan produksi kedelai sejak tahun 2009–2012, yaitu berturut-turut sebesar 974.51 ton, 907.03 ton, 851.29 ton, dan 843.15 ton.

Kedelai rentan terhadap infeksi virus sehingga dapat memengaruhi hasil panen secara kualitas dan kuantitas. Beberapa virus yang dilaporkan menyebabkan penyakit penting pada pertanaman kedelai ialah *Soybean mosaic virus* (SMV) (Andyanie 2012), *Soybean stunt virus* (SSV)/*Cucumber mosaic virus* galur *soybean* (CMV-S) (Asadi *et al.* 2003), *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV) (Akin 2003). Berdasarkan hasil penelitian Sulandari *et al.* (2006) di rumah kaca, ditemukan juga bahwa *Geminivirus* dapat menginfeksi kedelai.

Gejala infeksi virus di lapangan sangat bervariasi karena ekspresi gejala dipengaruhi oleh jenis virus, kondisi lingkungan, dan kultivar tanaman. Gejala penyakit yang tampak di lapangan tidak dapat diandalkan untuk mendiagnosis virus penyebab penyakit. Deteksi virus secara serologi dan deteksi asam nukleat dengan *polymerase chain reaction* (PCR) serta peruntukan DNA yang berkembang saat ini dapat membantu identifikasi virus secara akurat. Mengingat kedelai merupakan salah satu komoditas pangan penting Indonesia maka perlu diketahui jenis virus yang dapat membatasi produksi kedelai. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan mendeteksi virus yang

menginfeksi kedelai pada beberapa lokasi pertanaman kedelai di Jawa.

## BAHAN DAN METODE

Sampel tanaman kedelai diambil dari pertanaman di Kecamatan Cikarawang dan Kecamatan Bogor Barat, Bogor (Jawa Barat); Kecamatan Gempol, Cirebon (Jawa Barat); Kecamatan Kasihan, Bantul (DI Yogyakarta); dan Kecamatan Babadan, Ponorogo (Jawa Timur). Sampel diambil sebanyak masing-masing 50 daun tanaman bergejala dan tidak bergejala dari setiap lokasi.

### Uji Serologi

Sampel tanaman dari lapangan digunakan untuk mendeteksi virus berdasarkan metode serologi *dot blot immunobinding assay* (DIBA) menggunakan antibodi spesifik CMV, SMV, CPMMV, dan BPMV mengikuti protokol yang digunakan Anggraini dan Hidayat (2014), namun antibodi yang digunakan hanya antibodi spesifik kedua yang berkonjugasi dengan enzim alkalin fosfatase.

Insidensi infeksi virus (IIV) dihitung menggunakan rumus:

$$IIV = \frac{n}{N} \times 100\%, \text{ dengan}$$

n, jumlah tanaman positif terdeteksi virus; N, total tanaman yang diuji.

### Deteksi dengan Metode PCR

Virus target terdiri atas CMV, SMV, *Potyvirus*, dan *Geminivirus*. Tiga virus (CMV, SMV, dan *Potyvirus*) dideteksi dengan metode *reverse transcription* (RT)-PCR, sedangkan *Geminivirus* dengan metode PCR.

RNA total diekstraksi dari daun tanaman menggunakan *GeneJET Plant RNA Purification Mini Kit* dengan protokol sesuai yang direkomendasikan oleh pembuatnya (Thermo

Scientific). Untuk deteksi *Geminivirus*, DNA total diekstraksi mengikuti protokol yang dikembangkan oleh Doyle dan Doyle (1987). Sintesis *complementary DNA* (cDNA) dilakukan terhadap RNA total sesuai protokol yang dilaporkan Anjarsari *et al.* (2013).

Amplifikasi CMV menggunakan pasangan primer CMV-cpF [5'-GACAAATCTGAA TCAACCAGTGCC-3'] dan CMV-cpR [5'-ACTGGGAGCACTC-CAGATGTG-3'] dengan target amplicon ~650 pb. Amplifikasi dilakukan sebanyak 1 siklus pada 95 °C selama 3 menit, 45 °C selama 1 menit dan 72°C, selanjutnya 35 siklus dengan tahapan denaturasi pada 94 °C selama 1 menit, aneling pada 50 °C selama 1 menit dan sintesis pada 72 °C selama 1 menit. Khusus untuk siklus terakhir ditambah tahapan sintesis 68 °C selama 5 menit. Amplifikasi SMV menggunakan pasangan primer spesifik gen CI, CI-F [5'-GCATTCAACTGTGCGCTTAAAGAAT-3' dan CI-R [5'-TTGAGGCTGCAAAAATTAC TCACTT-3'] dengan target amplicon berukuran ~1385 pb dan program PCR sesuai yang dilakukan Kim *et al.* (2004). *Potyvirus* diamplifikasi menggunakan pasangan primer universal sebagian gen protein selubung (CP) *Potyvirus* MJ1 [5'-ATGGTHTGGTGTGYATHGARAAYGG-3'] dan MJ2 [5'TGCTGCKGICYTTTCAT-YTG-3'] dengan target amplicon berukuran ~320 pb dan program PCR sesuai yang dilakukan Grisoni *et al.* (2006). Amplifikasi *Geminivirus* menggunakan pasangan primer SPG1 [5'-CCCCKGTGCGWRAATCCAT-3'] dan SPG2 [5'-ATCCVAAYWTYCAGGGAGCTAA-3'] dengan target amplicon berukuran ~900 pb

dan program PCR sesuai yang dilakukan Li *et al.* (2004).

DNA hasil amplifikasi dielektroforesis pada tegangan 50 volt selama 50 menit menggunakan gel agarosa 1% yang dilarutkan dalam bufer 0.5 × *Tris-Borate* EDTA (TBE) kemudian direndam dalam larutan etidium bromida selama 15 menit. Visualisasi DNA dilakukan menggunakan UV *transiluminator* dan didokumentasi dengan kamera digital.

### Perunutan DNA dan Analisis Filogenetika

Perunutan DNA hasil amplifikasi dilakukan dengan mengirim sampel DNA ke *First Base*, Malaysia. Sikuen nukleotida dibandingkan dengan sikuen nukleotida virus asal negara lain yang terdaftar di GenBank menggunakan program *basic local alignment search tool* (BLAST) pada situs *National Center for Biotechnology Information* ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)).

Analisis filogenetika dilakukan menggunakan perangkat lunak *molecular evolutionary genetics analysis* (MEGA 6.06) dengan model pohon *neighbor joining* (bootstrap sebanyak 1000 kali).

## HASIL

### Gejala Penyakit

Gejala yang beragam ditemukan pada tanaman kedelai di beberapa lokasi di Jawa (Tabel 1). Gejala yang ditemukan umumnya mosaik, permukaan daun yang tidak merata/melepuh, penebalan tulang daun, malformasi daun, pinggir daun melengkung ke atas (*cupping*) dan menguning (Gambar 1).

Tabel 1 Jenis gejala infeksi virus pada tanaman kedelai di beberapa lokasi di Jawa

Lokasi	Jenis gejala*				
	Mosaik	Rugos	<i>Vein banding</i>	Malformasi daun	<i>Yellowing</i>
Cikarawang	√	√	√	√	√
Bogor Barat	√	-	√	√	√
Cirebon	√	√	-	√	-
Bantul	√	√	√	-	-
Ponorogo	√	√	√	-	-

\*Rugos, permukaan daun tidak rata/melepuh; *Vein banding*, penebalan tulang daun; √, ditemukan gejala; -, tidak ditemukan gejala.

Hasil deteksi secara serologi menunjukkan bahwa gejala mosaik dapat disebabkan oleh infeksi tunggal maupun infeksi campuran oleh 2 atau lebih virus. Infeksi campuran dapat menyebabkan gejala mosaik yang lebih berat, malformasi daun dan menguning.

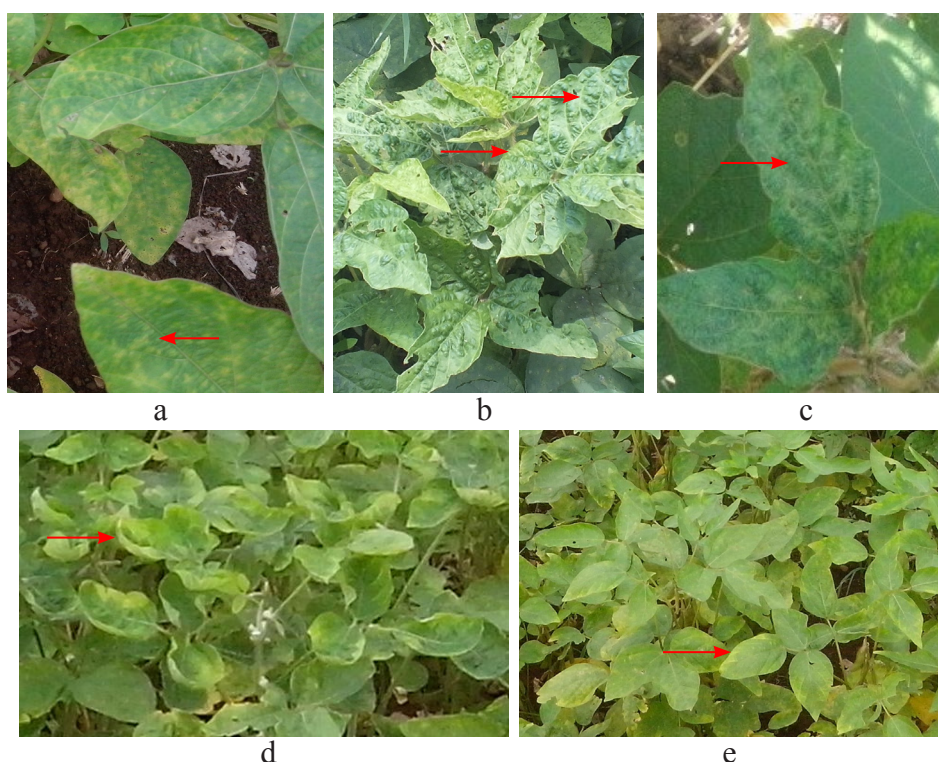
### Insidensi Infeksi Virus

Hasil uji serologi menunjukkan infeksi CMV paling tinggi dibandingkan dengan infeksi SMV dan CPMMV (Tabel 2). Insidensi penyakit CMV berturut-turut ialah 84, 72,

78, 74, dan 82% untuk daerah Cikarawang, Bogor Barat, Cirebon, Bantul, dan Ponorogo. Beberapa sampel terinfeksi campuran antara CMV dan virus lainnya, yaitu 8 sampel (16%) asal Cikarawang, 12 sampel (24%) asal Cirebon, 6 sampel (12%) asal Bantul, dan 10 sampel (20%) asal Ponorogo (Tabel 3).

### Amplifikasi DNA

Fragmen DNA CMV berhasil diamplifikasi dengan primer spesifik gen CP (~650 pb) dari semua sampel (Gambar 2a). Fragmen DNA



Gambar 1 Jenis gejala infeksi virus pada tanaman kedelai di beberapa lokasi di Jawa. a, mosaik; b, mosaik, daun mengecil, permukaan daun tidak rata, tepi daun melengkung; c, daun mengecil, penebalan tulang daun; d, malformasi daun, menguning, tepi daun melengkung ke atas; dan e, tepi daun menguning.

Tabel 2 Insidensi infeksi (%) virus berdasarkan reaksi serologi

Lokasi	Insidensi infeksi virus (n/N)*		
	SMV	CMV	CPMMV
Cikarawang	16.0 (8/50)	84.0 (42/50)	6.0 (3/50)
Bogor Barat	0.0 (0/50)	72.0 (36/50)	0.0 (0/50)
Cirebon	24.0 (12/50)	78.0 (39/50)	8.0 (4/50)
Bantul	14.0 (7/50)	74.0 (37/50)	0.0 (0/50)
Ponorogo	22.0 (11/50)	82.0 (41/50)	0.0 (0/50)
Total	15.2 (38/205)	78.0 (195/250)	2.8 (7/250)

\*n/N, jumlah tanaman terinfeksi/jumlah total tanaman yang diuji

SMV tidak berhasil diamplifikasi dengan primer spesifik gen CI SMV dari sampel asal Ponorogo (data tidak ditampilkan) namun dari sampel yang sama berhasil diamplifikasi *Potyvirus* (~320 pb) (Gambar 2b). Sampel daun yang bergejala melengkung ke atas serta menguning yang hanya ditemukan di lokasi Bogor Barat terdeteksi positif CMV dan *Geminivirus* (Gambar 2c).

homologi yang tinggi sebesar 95–99% dengan CMV galur asal kedelai Bogor (FJ177303). Sikuen DNA sebagian gen CP sampel Ponorogo menunjukkan homologi tertinggi sebesar 90% dengan BCMV isolat kacang hijau asal Cina (KC832502) dan BCMV galur *Blackeye* asal kacang merah dari Vietnam (DQ925421). Sikuen DNA sampel dari Bogor Barat yang diamplifikasi dengan primer universal gen CP *Geminivirus* menunjukkan homologi tertinggi sebesar 96% dengan *Pepper yellow leaf curl virus* (PYLCV) isolat cabai asal Bogor (DQ083764) dan asal Jawa (JX416180).

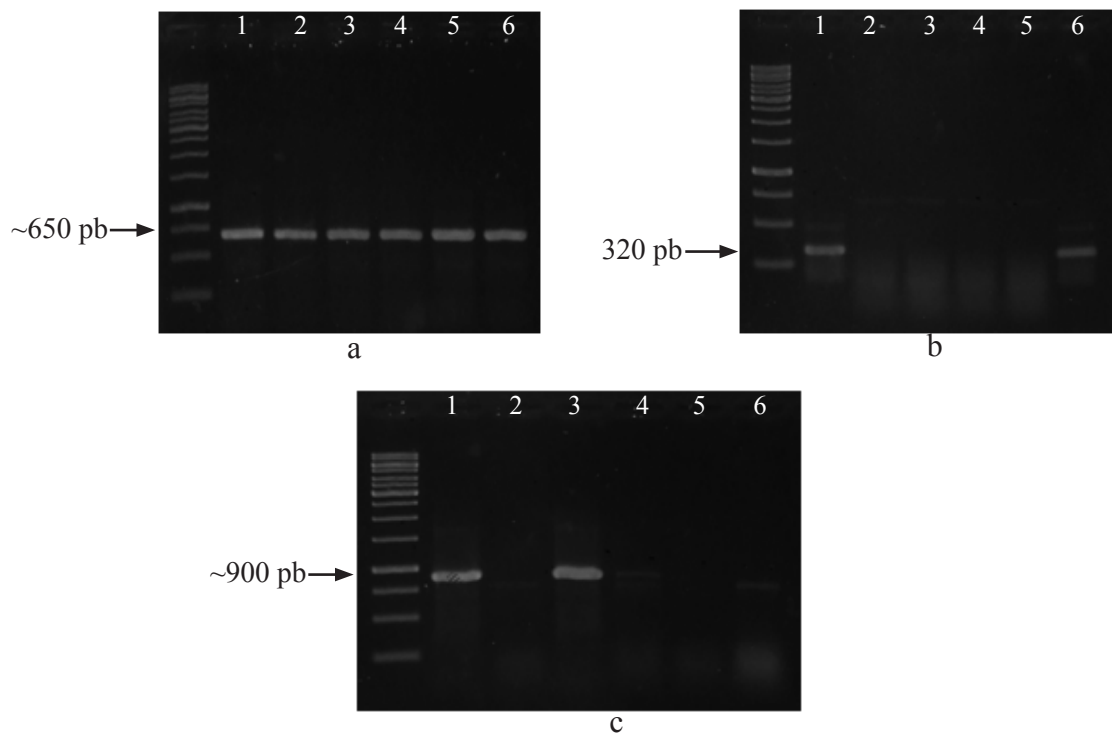
**Analisis Sikuen DNA**

Hasil analisis BLAST sikuen DNA gen CP CMV dari semua lokasi menunjukkan

Tabel 3 Frekuensi terjadinya infeksi campuran virus berdasarkan reaksi serologi\*

Lokasi	Infeksi Campuran			
	SMV-CMV	SMV-CPMMV	CMV-CPMMV	SMV-CMV-CPMMV
Cikarawang	6/50	0/50	1/50	1/50
Bogor Barat	0/0	0/50	0/50	0/50
Cirebon	8/50	0/50	2/50	2/50
Bantul	6/50	0/50	0/50	0/50
Ponorogo	10/50	0/50	0/50	0/50

\*Frekuensi infeksi ialah jumlah tanaman terinfeksi/jumlah total tanaman yang diamati



Gambar 2 Pita DNA virus hasil amplifikasi dengan primer a, *Cucumber mosaic virus* (650 pb); b, universal *Potyvirus* (320 pb); c, universal *Geminivirus* (900 pb); 1, kontrol positif; 2, sampel Cikarawang; 3, sampel Bogor Barat; 4, sampel Cirebon; 5, sampel Bantul; 6, sampel Ponorogo; M, penanda DNA 1 kb (Thermo).

### Analisis Filogenetika

Hasil analisis filogenetika berdasarkan sekuens DNA menunjukkan CMV asal Cikarawang, Bogor Barat, Cirebon, Bantul, dan Ponorogo berada dalam kelompok yang sama dengan CMV-S asal Bogor, Indonesia yang terpisah dari CMV galur lainnya (Gambar 3a). BCMV asal Ponorogo berada pada kelompok yang terpisah dengan BCMV asal negara lain (Gambar 3b), sedangkan PYLCV asal Bogor Barat berada dalam kelompok yang sama dengan PYLCV isolat cabai asal Bogor dan Jawa (Gambar 3c).

### PEMBAHASAN

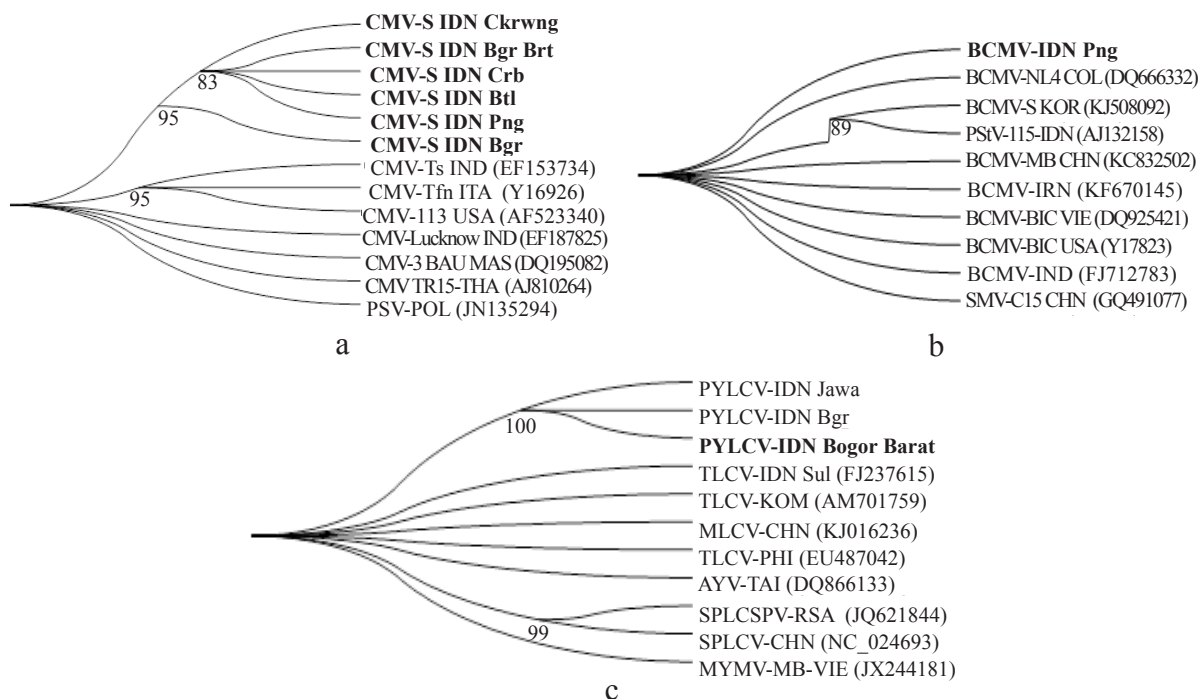
Variasi gejala yang ditemukan di lapangan kemungkinan dapat disebabkan kultivar yang berbeda dan umur tanaman yang bervariasi saat pengambilan sampel dilakukan. Umur tanaman kedelai di lapangan berkisar 45–60 hari setelah tanam (HST). Gejala penyakit virus pada tanaman kedelai setelah melewati awal pertumbuhan (14–28 HST)

sulit dibedakan karena gejalanya menjadi kompleks dan bervariasi (Andayanie 2012).

Infeksi tunggal oleh CMV menghasilkan gejala penyakit yang lebih ringan dibandingkan dengan gejala oleh infeksi *Cowpea mottle virus* (CMeV) (Arogundade *et al.* 2009). Pada infeksi campuran beberapa virus terjadi interaksi 2 virus atau lebih yang menginduksi gejala lebih parah (sinergis) atau sebaliknya (antagonis) (Syller 2012).

BCMV dan CMV dilaporkan menginfeksi kedelai, kacang hijau, dan kacang tanah di Jawa Barat (Green *et al.* 1988). Kedelai yang diinokulasi dengan BCMV menghasilkan gejala mosaik ringan yang tersebar di permukaan daun (Petrovic 2010). Berdasarkan gejala yang ditemukan di lapangan, sulit membedakan mosaik yang disebabkan CMV dan BCMV. Deteksi serologi atau asam nukleat sangat diperlukan untuk memastikan virus penyebabnya.

Hasil deteksi dan identifikasi molekuler menunjukkan CMV-S adalah virus yang dominan menginfeksi kedelai di semua



Gambar 3 Pohon filogenetika virus kedelai asal Indonesia (dalam huruf tebal) terhadap virus yang sama dari negara lain. a, CMV; b, BCMV; dan c, PYLCV. PSV, *Peanut stunt virus*; PStV, *Peanut stripe virus*; TLCV, *Tomato leaf curl virus*; MLCV, *Malvastrum leaf curl virus*; AYW, *Ageratum yellow vein virus*; SPLCV, *Sweet potato leaf curl virus*; MYMV, *Mungbean yellow mosaic virus*; PSV-POL, SMV-C15 CHN, PSV-POL, MYMV MB-VIE sebagai pembandingan di luar grup.

lokasi pengambilan sampel. Hal ini mungkin menunjukkan bahwa virus tersebut telah menyebar merata di semua lokasi pengambilan sampel. CMV-S dapat ditularkan melalui benih dan beberapa spesies kutudaun secara nonpersisten. Penularan CMV-S melalui benih cukup tinggi, yaitu 40–100% (Hartman *et al.* 1999). Sikuen nukleotida gen CP CMV yang berasal dari seluruh lokasi pengambilan sampel memiliki homologi yang tinggi terhadap CMV-S asal Bogor serta membentuk kelompok tersendiri yang terpisah dengan CMV galur nonlegum asal negara lain, namun masih termasuk dalam subgrup IB.

Homologi yang tinggi antarisolat CMV dari semua lokasi pengambilan sampel menunjukkan hampir tidak ditemukan keragaman genetika gen CP CMV-S. Perbedaan geografi kurang atau tidak berkontribusi terhadap keragaman genetika CMV-S. Hal ini diduga karena telah terjadi adaptasi inang SSV (CMV-S) terhadap kedelai lokal sehingga SSV (CMV-S) membentuk kelompok sendiri meskipun berbeda asal secara geografi (Hong *et al.* 2003).

Reaksi silang secara serologi dapat terjadi karena kedekatan homologi gen-gen tertentu suatu virus dalam genus yang sama. Gen CP SMV memiliki homologi yang sangat dekat dengan BCMV, namun terpisah jauh dengan *Bean common mosaic necrosis virus* (BCMV) (Chen *et al.* 2003). Reaksi silang antara SMV dan BCMV diduga terjadi juga dalam penelitian ini. Sampel uji yang positif terdeteksi sebagai SMV dalam deteksi serologi, teramplifikasi hanya dengan primer universal *Potyvirus*. Analisis BLAST runutan DNA gen CP sampel tersebut menunjukkan homologi tertinggi dengan BCMV asal Cina dan Vietnam. Hal yang sama dilaporkan terjadi juga pada antibodi *Henbane mosaic potyvirus* (HMV) dan *Potato Y potyvirus* (PVY) yang bereaksi positif dengan antibodi *Eggplant mottle virus* (EMoV) (Bhat *et al.* 1999) dan *Tomato spotted wilt virus* (TSWV) bereaksi positif dengan *Chrysanthemum stem necrosis virus* (CSNV) (Boben *et al.* 2007).

Insidensi BCMV pada kedelai belum pernah dilaporkan sebelumnya di Indonesia,

walaupun kedelai dapat menjadi inang BCMV di Afrika (CABI 2007). BCMV isolat kedelai saat ini dilaporkan menjadi ancaman potensial produksi kedelai pada beberapa wilayah di Cina. Berdasarkan analisis filogenetika BCMV isolat kedelai dari Cina masuk dalam grup I terpisah dengan BCMV isolat dan galur lainnya. Hal ini menunjukkan adanya diferensiasi tetua dan adaptasi inang (Zhou *et al.* 2014). BCMV isolat kedelai asal Ponorogo juga berada pada kelompok yang terpisah dari galur BCMV atau isolat lainnya dalam filogenetika.

PYLCV (genus *Begomovirus*) yang terdeteksi pada sampel asal Bogor Barat memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dengan PYLCV isolat cabai asal Indonesia. Sebelumnya dilaporkan terdapat 2 *Begomovirus* yang menginfeksi kedelai secara alami di Nigeria, yaitu *Soybean mild mottle virus* (SbMMV) dan *Soybean chlorotic blotch virus* (SbCBV) (Alabi *et al.* 2010). Penularan PYLCV dengan kutukebul dalam percobaan rumah kaca menunjukkan bahwa tanaman yang termasuk famili *Leguminosae* (kedelai, kacang panjang, kacang hijau, orok-orok) dapat terinfeksi PYLCV walaupun intensitas serangannya lebih ringan dan masa inkubasinya relatif lebih lama (Sulandari *et al.* 2006). Di lapangan, pertanaman cabai, tomat, dan kacang-kacangan umumnya ditanam pada lahan yang sama sehingga kemungkinan terjadinya infeksi virus pada tanaman selain inang utama tidak dapat diabaikan. Infeksi alami PYCLV pada kedelai asal Bogor Barat merupakan informasi baru yang menunjukkan ekstensi inang dari virus ini selain *Solanaceae*.

Berdasarkan pada hasil deteksi tersebut di atas, CMV galur S masih merupakan virus yang dominan menginfeksi kedelai dengan insidensi yang paling tinggi dibandingkan dengan virus lainnya di beberapa pertanaman kedelai di Jawa. Insidensi BCMV dan PYCLV di lapangan merupakan suatu informasi baru.

## DAFTAR PUSTAKA

Akin HM. 2003. Respon beberapa genotipe kedelai terhadap infeksi CPMMV

- (*Cowpea mild mottle virus*). J HPT Trop. 3(2):40–43.
- Alabi OJ, Kumar PL, Mgbechi-ezeri JU, Naidu RA. 2010. Two new ‘legumoviruses’ (genus *Begomovirus*) naturally infecting soybean in Nigeria. Arch Virol. 155:643–656. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00705-010-0630-3>.
- Andayanie WR. 2012. Diagnosis penyakit mosaik (*Soybean mosaic virus*) terbawa benih kedelai. J HPT Trop. 12(2):185–191.
- Anggraini S, Hidayat SH. 2014. Sensivitas metode serologi dan polymerase chain reaction untuk mendeteksi *Bean common mosaic Potyvirus* pada kacang panjang. J Fitopatol Indones. 10(1):17–22. DOI: <http://dx.doi.org/10.14692/jfi.10.1.17>.
- Anjarsari L, Suastika G, Damayanti TA. 2013. Deteksi dan identifikasi *Potyvirus* pada ubi jalar di Tana Toraja, Sulawesi Selatan. J Fitopatol Indones. 9(6):193–201. DOI: <http://dx.doi.org/10.14692/jfi.9.6.193>.
- Arogundade O, Balogun SO, Aliyu TH. 2009. Effect of *Cowpea mottle virus* and *Cucumber mosaic virus* on six soybean (*Glycine max* L.) kultivars. J Virol. 220(6):1–5. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/1743-422X-6-220>.
- Asadi, Soemartono, Woerjono M., dan Jumanto, H. 2003. Kendali genetik ketahanan kedelai terhadap penyakit virus kerdil (*Soybean stunt virus*). Zuriat. 14(2):1–11.
- Bhat AI, Varma A, Pappu HR, Rajamannar, Jain RK, Praveen S. 1999. Characterization of a *potyvirus* from eggplant (*Solanum melongena*) as a strain of *potato virus Y* by N-terminal serology and sequence relationships. Plant Pathol. 48:648–654. DOI: <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-3059.1999.00384.x>.
- Boben J, Mehle N, Pirc M, Plesko IM, Ravnikar M. 2007. New molecular diagnostic methods for detection of *Chrysanthemum stem necrosis virus* (CSNV). ABS. 50(1):41–51.
- [BPS] Badan Pusat Statistik. 2013. *Data Statistik Indonesia*. Badan Pusat Statistik. Jakarta. [www.bps.go.id](http://www.bps.go.id) [diakses 9 April 2013].
- [CABI] Centre for Agriculture and Biosciences International. 2007. *Crop Protection Compendium*. (Serial Online). Wallingford (UK): CAB International.
- Chen J, Zheng HY, Shi YH, Adams MJ, Antoniw JF, Zhao MF, Shang YF and Chen JP. 2003. A virus related to *soybean mosaic virus* from *Pinellia ternata* in China and its comparison with local soybean SMV isolates. Arch Virol. 149:349–363. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00705-003-0184-8>.
- Doyle JJ, Doyle JL. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochem Bull. 19:11–15.
- Green SK, Lee DR, Horne NM. 1988. Survey for viruses of soybean, mung bean and peanut in Java, Indonesia. Plant Dis. 72:994. DOI: <http://dx.doi.org/10.1094/PD-72-0994A>.
- Grisoni M, Moles M, Farreyrol K, Rassaby L, Davis R, Pearson M. 2006. Identification of potyviruses infecting vanilla by direct sequencing of a short RT-PCR amplicon. Plant Pathol. 55:523–529. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01397.x>.
- Hartman GL, Sinclair JB, Rupe JC. 1999. *Compendium of Soybean Diseases*. Ed ke-4. St. Paul, Minnesota (US): The American Phytopathological Society. hlm 182.
- Hong JS, Masuta C, Nakano M, Abe J, Uyeda I. 2003. Adaptation of *Cucumber mosaic virus soybean* strains (SSVs) to cultivated and wild soybeans. Theor Appl Genet. 107:49–53. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-003-1222-3>
- Kim YH, Kim OS, Roh JH, Moon JK, Sohn SI, Lee C, Lee JY. 2004. Identification of *soybean mosaic virus* strains by RT-PCR analysis of cylindrical inclusion coding region. Plant Dis. 88(6):641–644. DOI: <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.6.641>.
- Li R, Salih S, Hurt S. 2004. Detection of *Geminiviruses* in sweetpotato by



- polymerase chain reaction. *Plant Dis.* 88(12):1347–1351. DOI: <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.12.1347>.
- Petrovic D, Ignjatov M, Nolic Z, Vujakovic M, Vasic M, Milosevic M, Taski-Adjukovic K. 2010. Occurrence and distribution of viruses infecting the bean in Serbia. *Arch Biol Sci Belgrade.* 62(3):595–601. DOI: <http://dx.doi.org/10.2298/ABS1003595P>.
- Sulandari S, Suseno R, Hidayat SH, Harjosudarmo J, Sosromarso S. 2006. Deteksi dan kajian kisaran inang virus penyebab penyakit daun keriting kuning cabai. *Hayati J Biosci.* 13(1):1–6.
- Syller J. 2012. Facilitative and antagonistic interactions between plant viruses in mixed infections. *Mol Plant Pathol.* 13(2):204–216. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00734.x>.
- Zhou GC, Wu XY, Zhang YM, Wu P, Wu XZ, Liu LW, Wang Q, Hang YY, Yang JY, Shao ZQ, Wang B, Chen JQ. 2014. A genomic survey of thirty soybean-infecting *Bean common mosaic virus* (BCMV) isolates from China pointed BCMV as a potential threat to soybean production. *Virus Res.* 191:125–133. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.virusres.2014.07.029>.