UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Karakterisasi Molekuler dan Biologi cucumber mosaic virus pada Tanaman dan Gulma Fabaceae di Daerah
Istimewa Yogyakarta dan Jawa Tengah**
Rossa Wulandari, Dr. Adyatma Irawan Santosa, S.P., M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Cucumber mosaic virus (CMV) merupakan virus tanaman dari genus *Cucumovirus* dan famili *Bromoviridae* dengan kisaran tanaman inang luas, termasuk famili *Fabaceae*. Infeksi CMV dapat menurunkan hasil produksi dan menyebar luas melalui vektor serangga, benih, maupun penularan mekanis. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi CMV secara molekuler di Daerah Istimewa Yogyakarta dan Jawa Tengah. Sampel tanaman dan gulma *Fabaceae* diambil secara *purposive sampling* dengan gejala mosaik, klorosis, dan malformasi daun. Hasil penelitian menunjukkan kacang panjang dari Sleman, Bantul, dan Kulon Progo; sentrosema dari Gunung Kidul; serta telang dari Sleman dan Magelang terinfeksi CMV dengan panjang pita 540 bp menggunakan primer CMV-RNA3F–CMV-RNA3R. Analisis filogenetik menunjukkan CMV-GKD-21 berkerabat dekat dengan isolat dari Indonesia dan Brazil, dengan persentase identitas 94,1% terhadap BangkaK13 (Indonesia) dan 93% dengan Para (Brazil). Sementara itu, CMV-SMN-93, CMV-MGL-94, CMV-SMN-121, CMV-SMN-122, CMV-KPG-125 dan CMV-BTL-126 berkerabat dekat dengan isolat CMV asal China dan Amerika Selatan, dengan persentase identitas sebesar 96,9%-95,4% terhadap CTL (China) dan 96,7%-95,2% terhadap CMV TabEC (Amerika Selatan). Hasil uji penularan mekanis pada kacang panjang, kacang tunggak, kedelai, buncis, kacang hijau, dan *Chenopodium amaranticolor*, serta penularan melalui vektor serangga *Aphid craccivora* pada kacang panjang menunjukkan infeksi positif dengan gejala mosaik, klorosis, dan malformasi daun. Dengan demikian, penelitian ini menambah informasi mengenai keberadaan dan keragaman genetik CMV pada tanaman dan gulma famili *Fabaceae* di Daerah Istimewa Yogyakarta dan Jawa Tengah.

Kata kunci: *cucumber mosaic virus*, *Fabaceae*, RNA, filogenetik, kisaran inang

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Karakterisasi Molekuler dan Biologi cucumber mosaic virus pada Tanaman dan Gulma Fabaceae di Daerah
Istimewa Yogyakarta dan Jawa Tengah**
Rossa Wulandari, Dr. Adyatma Irawan Santosa, S.P., M.Sc.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Cucumber mosaic virus (CMV) is a plant virus classified in the genus *Cucumovirus* and the famili *Bromoviridae* with a wide host range, including the *Fabaceae*. CMV infection can reduce crop yields and spread rapidly through insect vectors, seeds, and mechanical transmission. This study aims to molecularly identify CMV in the Special Region of Yogyakarta and Central Java. Plant and weed samples from the *Fabaceae* were collected using purposive sampling based on symptoms such as a mosaic, chlorosis, and leaf malformation. The results showed that yardlong bean samples from Sleman, Bantul, and Kulon Progo; centro from Gunung Kidul; and butterfly pea from Sleman and Magelang were infected with CMV with a band length of 540 bp using CMV-RNA3F–CMV-RNA3R. The results of phylogenetic analysis showed that CMV-GKD-21 is closely to isolated from Indonesia and Brazil, with sequence identities of 94.1% to BangkaK13 (Indonesia) and 93% to Para (Brazil). CMV-SMN-93, CMV-MGL-94, CMV-SMN-121, CMV-SMN-122, CMV-KPG-125 and CMV-BTL-126 are closely to isolates from China and South America, with sequence identities of 96.9%-95.4% to CTL (China) and 96.7%-95.2% to CMV TabEC (South America). The result of mechanical inoculation on yardlong bean, cowpea, soybean, common bean, mungbean, *Chenopodium amaranticolor*, and transmission via the insect vector *Aphid craccivora* on yardlong bean, showed positive results with symptoms of mosaic, chlorosis, and leaf malformation. Therefore, this study provides additional information on the occurrence and genetic diversity of CMV infecting *Fabaceae* plants and associated weeds in the Special Region of Yogyakarta and Central Java.

Keywords: cucumber mosaic virus, *Fabaceae*, RNA, phylogenetics, host range