

**VARIABILITAS STRAIN-STRAIN PStV PADA TINGKAT MOLEKUL
BERDASARKAN GEN PROTEIN SELUBUNG DAN
3' UTR (UNTRANSLATED REGION) GENOM RNA PStV**

**VARIABILITY OF PEANUT STRIPE VIRUS STRAINS
AT MOLECULAR LEVEL BASED ON COAT PROTEIN GENE AND
3'UTR (UNTRANSLATED REGION) OF PStV GENOMIC RNA**

Hasriadi Mat Akin ^{*)}

*Jurusan Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Lampung
Jalan Sumantri Brojonegoro No. 1 Bandar Lampung 35145
Sudarsono*

*Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor
Kampus IPB Darmaga Bogor 16680*

^{)} Corresponding author, E-mail: hmatakin@yahoo.com*

ABSTRACT

Variability of various peanut stripe virus (PStV) strains at the molecular level was studied based on nucleotide sequence of coat protein (CP) cistron and 3' UTR (untranslated region). Six PStV strains causing different types of symptoms on peanut leaves (Arachis hypogaea var. Landak) were used in this study. Fourteen point mutations on the coat protein gene have been identified among the PStV strains, however, only two point mutations at three positions (9309 of PStV-Isb and PStV-Ibs and 9885 of PStV-Ibs) resulted in amino acid residue changed of the coat protein. Pair comparison among six 3' UTR sequences of the strains revealed a 97,9 – 100% sequence similarity. The results provided evidence that all the strains were of the same virus and there is no correlation between typical symptoms of the PStV infection and CP sequence variability among the strains.

Key words : peanut stripe virus, molecular variability, 3' untranslated region.

INTISARI

Variabilitas beberapa strain *peanut stripe virus* (PStV) pada tingkat molekul diamati berdasarkan runutan nukleotida sistron penyandi protein selubung (CP) dan 3' UTR (*untranslated region*) genom PStV. Penelitian ini menggunakan enam strain PStV yang masing-masing menimbulkan tipe gejala yang berbeda pada kacang tanah varietas Landak. Hasil penelitian ini menunjukkan adanya 14 lokasi mutasi titik pada sistron CP dari strain-strain PStV, namun demikian hanya dua lokasi saja yang berakibat pada perubahan residu asam amino CP. Mutasi titik yang menyebabkan terjadinya perbedaan asam amino tersebut ada pada posisi 9309 untuk PStV-Isb dan PStV-Ibs, serta ke 9885 untuk PStV-Ibs. Hasil analisis runutan nukleotida 3' UTR menunjukkan bahwa strain-strain virus tersebut mempunyai kesamaan antara 97,9% sampai 100%; hal ini membuktikan bahwa strain-strain tersebut merupakan virus yang sama. Hasil penelitian ini juga menunjukkan perbedaan tipe gejala akibat infeksi masing-masing strain PStV pada kacang tanah tidak berkorelasi dengan variabilitas runutan nukleotida sistron CP.

Kata kunci: *peanut stripe virus*, variabilitas molekuler, 3'*untranslated region*.

PENGANTAR

Di Indonesia, PStV (*peanut stripe virus*) paling dominan menyerang kacang tanah dibandingkan dengan virus-virus yang lain. PStV diketahui terdapat di seluruh pertanaman kacang tanah dan merupakan salah satu penyebab rendahnya daya hasil kacang tanah (Saleh *et al.*, 1989). Salah satu faktor penyebab PStV endemik di lokasi-lokasi budidaya kacang tanah di Indonesia adalah kemampuan virus ini untuk menular melalui benih (*seedborne*).

PStV termasuk dalam genus *Potyvirus*, dan famili *Potyviridae* (Van Regenmortel *et al.*, 2000). PStV berbentuk batang lentur (*flexuous rod*) dan berukuran 12x752 nm. Virion terdiri atas satu utas RNA (ssRNA) dengan bobot molekul (BM) 3100 kDa dan protein selubung yang tersusun dari subunit-subunit protein dengan BM 31 kDa (Demski *et al.*, 1984). Genom PStV berukuran 10059 nt tidak termasuk ekor poliadenilat (poli-A) pada ujung 3' genom RNA. Pada ujung bagian 5' genom RNA terdapat protein (VPg) yang terikat secara kovalen pada RNA dan bagian ujung 3' terdapat poli-A (Gunashinghe *et al.*, 1994). Genom PStV tersebut terdiri atas satu ORF (*open reading frame*) yang meliputi 95% dari total RNA. Kodon awal terletak pada urutan nukleotida ke 134 – 136 dan kodon stop pada runutan nukleotida ke 9768 – 9770 dari ujung bagian 5' genom RNA PStV (Gunashinghe *et al.*, 1994).

Taksonomi potyvirus, sebagai kelompok virus tumbuhan terbesar, sampai saat ini masih sulit dilakukan dengan baik karena besarnya variasi di antara anggota kelompok (Ward & Shukla, 1990). Shukla dan Ward (1988) menggunakan runutan asam amino protein selubung (*coat protein/CP*) untuk menilai hubungan kekerabatan berbagai virus dalam kelompok potyvirus. Hasil kajian tersebut menunjukkan virus-virus yang berbeda mempunyai kesamaan runutan asam amino

CP 38 – 71%; sedangkan untuk strain-strain dari virus yang sama kesamaannya mencapai 90 – 99%. Frankel *et al.* (1989) melaporkan hasil studi tingkat kesamaan runutan nukleotida 3' UTR (*untranslated region*) dari genom RNA potyvirus. Hasil studi tersebut menunjukkan strain-strain virus dari virus yang sama mempunyai tingkat kesamaan runutan nukleotida sebesar 83 – 99%; sedangkan untuk virus yang berbeda hanya berkisar 39 – 53 %.

Penelitian Akin dan Sudarsono (1997) menunjukkan terdapat paling tidak enam strain PStV yang diisolasi dari berbagai daerah di Indonesia. Strain-strain PStV tersebut dibedakan berdasarkan karakter gejala infeksi pada kacang tanah. Variasi gejala strain-strain PStV tersebut adalah *blotch*, *blotch-stripe*, *chlorotic ring-mottle*, *mild mottle*, *severe blotch*, dan *stripe*. Akin (2000) melaporkan terdapat tujuh nukleotida yang berbeda antara dua strain (PStV-Is dan PStV-Isb) yang menunjukkan gejala berbeda pada kacang tanah dan dari tujuh nukleotida yang berbeda tersebut hanya satu nukleotida yang menimbulkan perbedaan asam amino protein selubung PStV. Oleh sebab itu penelitian bertujuan untuk mengetahui lebih lanjut variasi strain-strain PStV pada tingkat molekuler.

BAHAN DAN METODE

Strain-strain PStV yang digunakan. Enam strain PStV yang telah dikarakterisasi oleh Akin dan Sudarsono (1997) digunakan dalam penelitian ini. Strain-strain PStV tersebut diisolasi dari berbagai daerah di Indonesia (Tabel 1).

Sintesis dan perunutan nukleotida sistron CP PStV. Sintesis dan perunutan nukleotida sistron CP PStV dilakukan mengikuti prosedur Akin (2000). Sintesis cDNA dari bagian 3' genom RNA-PStV yang meliputi sebagian sistron *nib* (*nuclear*

inclusion body), *cp* PStV, dan 3' UTR dilakukan dengan teknik RT-PCR mengikuti prosedur *Titan One Tube* RT-PCR Kit (Boehringer Mannheim). Primer yang digunakan adalah PST1 (5'GCATGCCCTCGCCATTGCAA3') yang komplementer dengan nukleotida ke 10003-9984 pada bagian 3' UTR dan PST4 (5'TACATAGCAGAATCAGCACT3') yang homolog dengan nukleotida 8810 – 8829 pada sistron *nib*. Hasil RT-PCR dianalisis dengan elektroforesis gel 1% agarose/1xTAE (50x TAE terdiri atas 2M Tris-HCl, pH8,3; 0,99 M asam asetat pekat, dan 50 mM EDTA). Hasil amplifikasi RT-PCR berupa cDNA 1,2 Kb (*kilobase*) dimurnikan mengikuti prosedur *QIAprep spin Kit* (QIAGEN) dan diligasikan dengan plasmid vektor pGEM-T Easy (Promega). Perunutan nukleotida cDNA3' genom RNA-PStV dilakukan mengikuti metode yang dikembangkan oleh Akin (2000).

Variabilitas PStV diamati berdasarkan hasil analisis runutan nukleotida *cp*PStV dilakukan menggunakan program *Sequencer Version 3.0*. Runutan asam amino CP-PStV diprediksi berdasarkan konsensus runutan nukleotida *cp* PStV dilakukan dengan program *ANGIS (Australian National Genomic Information Service)*. Multipasangan runutan nukleotida *cp* PStV dan asam amino CP dianalisis dengan program *CLUSTAL W* (Thomson *et al.*, 1994).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil perunutan nukleotida sebagian genom PStV terdiri atas 861 bp sistron CP (pasang basa) dan 205 bp 3' UTR (Gambar 1). Translasi sistron CP menghasilkan protein selubung virus yang terdiri atas 287 asam amino (Gambar 2).

Hasil perbandingan runutan nukleotida di antara enam strain tersebut menunjukkan adanya 14 mutasi titik pada sistron CP (Tabel 1). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa dua strain PStV (PStV-Ibs dan PStV-Isb) menunjukkan runutan nukleotida yang berbeda dengan strain PStV yang lain. Strain-strain PStV-Im, PStV-Ib, PStV-Is, dan PStV-Icr, menunjukkan runutan nukleotida yang sama walaupun tipe gejala penyakit yang ditimbulkan berbeda.

Analisis runutan nukleotida 3' UTR menunjukkan bahwa strain-strain PStV mempunyai variasi kesamaan berkisar antara 97,9 – 100%. Hasil analisis tersebut membuktikan bahwa strain-strain tersebut merupakan virus yang sama. Hal ini sesuai dengan yang dilaporkan Frankel *et al.* (1989) bahwa tingkat kesamaan runutan nukleotida 83 – 99% diamati untuk strain dalam virus yang sama dan 39 – 53% untuk virus yang berbeda.

Tabel 1. Strain-strain PStV yang digunakan

Strain PStV	TipeGejala	DeskripsiGejala
PStV-Im	<i>Mild mottle</i>	gejala belang ringan
PStV-Ib	<i>Blotch</i>	gejala blotch berwarna hijau tua pada daun kacang tanah
PStV-Ibs	<i>Blotch-stripe</i>	kombinasi gejala blotch dan stripe
PStV-Isb	<i>Severe blotch-stripe</i>	sama dengan kelompok blotch-stripe tetapi disertai dengan terjadinya perubahan permukaan daun (bergelombang)
PStV-Icr	<i>Chlorotic ring-mottle</i>	sama dengan severe blotch tetapi terdapat lingkaran klorotik di sekeliling blotch
PStV-Is	<i>Stripe</i>	gejala stripe berupa garis-garis kuning klorosis sepanjang tulang daun kacang tanah

Sistron CP PStV

9030	CAUUUGCAGU CAGGAAGCAG CACAACACAA
CCACCAGUUG	
9070	UGGAUGCUGG CGUGGAUACU GCCAAGGACA
ACAAAGAAAA	
9110	GAGCAACAAA GGAAAAGGUC CUGAAAGCGG
UGAAGGGUCA	
9150	GGUAAUAAUA GUCGUGGAAC AGAGAAUCAA
UCAAUAGAG	
9190	ACAAGGAUGU GAAUGCUGGU UCAAAAGGAA
AGAUUGUUC	
9230	UCGGCUUCAG AAGAUCACAA AGAGAAUGAA
UUUGCCAAUG	
9270	GUGAAAGGGA AAGUGAUCUU GAAUUUAGAU
CAUCUUUAG	
9310	AUUACAAGCC AGAGCAAACU GAUCUUUUCA
ACACAAGAGC	
9350	AACAAAGAUG CAGUUUGAAA UGUGGUACAA
UGCUGUAAAAG	
9390	GGCGAGUAUG AAUAGAUGA UGAACAGAUG
UCAAUUGUGA	
9430	UGAAUGGCUU UAUGGUGUGG UGUUUUGACA
AUGGCACUUC	
9470	ACCGGAUGUA AAUGGAACAU GGGUGAUGAU
GGAUGGACAU	
9510	GAGCAAGUGG AAUAUCCUCU CAAACCAAUG
GUUGAGAAUG	
9550	CAAACCUAC ACUUCGUCAA AUCAUGCACC
AUUUCUCAGA	
9590	UGCAGCUGAA GCAUACAUUG AGAUGAGAAA
UUCUGAGCGA	
9630	CCAUACAUGC CUAGGUAUGG AUUGCUCCGG
AAUUUGAGGG	
9670	AUAAAAUCU AGCUCGCUAC GCUUUCGACU
UCUAUGAAGU	
9710	AACUCCAAG ACAUCAGAUC GUGCAAGGGA
AGCAGUAGCA	
9750	CAGAUGAAGG CAGCAGCCCU CAGCAAUGUU
AACAGCAAGU	
9730	UGUUUGGACU UGAUGGGAAU GUGGCAACAA
CCAGCGAGAA	
9830	UACUGAAAGG CACACUGCAA GGGACGUUAA
UCAAAACAUG	
9870	CACACACUUC UUGGCAUGGG UCCCCGCAG UAG

3'untranslated region

AGGUUGGGUA AACUGACCAC
 AGUUAGCAUC UCGCGUCGCU
 GAAUAAUUUC AUAUAGUAAU
 CUUUUAUGUU CUCUUUAGUU
 UCAGUGUGGU UUUUACCACC
 UUUGUAUUAC UAUUGUGAUA
 GUGUGGUUAG UCCACCAACA
 UAUUGUGAGU ACUUUAUGUU
 UAUGAGUAAG CCGGAAGAAC
 CAUUGCAAUG GCGAGGGCAU GC

Gambar 1. Representasi runutan nukleotida sistRON CP dan 3' UTR dari PStV-Is.

Tabel 2. Posisi terjadinya mutasi titik pada sistron CP pada strain-strain PStV asal Indonesia

Posisi mutasi pada sistron CP	Strain-strain PStV dari Indonesia					
	PStV-Im	PStV-Ib	PStV-Ibs	PStV-Is	PStV-Icr	PStV-Isb
9050	G	G	G	G	G	A
9098	C	C	C	C	C	U
9156	U	U	U	U	U	C
9185	A	A	A	A	A	G
9224	U	U	U	U	U	C
9282	A	A	A	A	A	U
9309	A	A	A	A	A	G
9453	U	U	U	U	U	C
9480	A	A	A	A	A	G
9519	A	A	A	A	A	G
9648	U	U	U	U	U	C
9658	C	C	C	C	C	U
9880	C	C	U	C	C	C
9885	C	C	C	C	C	U

Keterangan: Posisi nukleotida ditetapkan berdasarkan urutan nukleotida genom RNA PStV (Gunashinghe *et al.*, 1994)

Tabel 3. Variasi kesamaan runutan nukleotida 3' UTR dari strain-strain PStV asal Indonesia

	PStV-Im	PStV-Ib	PStV-Ibs	PStV-Isb	PStV-Icr	PStV-Is
PStV-Im	-	100	99,6	98,4	100	100
PStV-Ib	-	-	99,6	98,4	100	100
PStV-Ibs	-	-	99,6	97,9	99,6	96,6
PStV-Isb	-	-	-	-	98,4	98,4
PStV-Icr	-	-	-	-	-	100
PStV-Is	-	-	-	-	-	-

PStV-Im SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKG
 PESGEGSGNNSRGTENQSIR DKDVNAG
 PStV-Ib SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKG
 PESGEGSGNNSRGTENQSIR DKDVNAG
 PStV-Ibs SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKGPESGEGSGNN
 SRGTENQSMR DKDVNAG
 PStV-Is SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKG
 PESGEGSGNNSRGTENQSIR DKDVNAG
 PStV-Icr SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKGPESGEGSGNN
 SRGTENQSIR DKDVNAG
 PStV-Isb SGSSTTQPPV VDAGVDTAKD KKEKSNKGKGPESGEGSGNN
 SRGTENQSMR DKDVNAG

*

PStV-Im SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA
 PStV-Ib SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA
 PStV-Ibs SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA
 PStV-Is SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA
 PStV-Icr SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA
 PStV-Isb SKGKIVPRLQ KITKRMNLPM VKGKVITNLD HLLDYKPEQT
 DLFNTRATKM QFEMWYNA

```

PStV-Im VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK
PStV-Ib VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK
PStV-Ibs VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK
PStV-Is VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK
PStV-Icr VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK
PStV-Isb VKGEYEIDDE QMSIVMNGFM VWCIDNGTSP
DVNGTWVMMD GDEQVEYPLK PMVENAK

PStV-Im PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD
PStV-Ib PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD
PStV-Ibs PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD
PStV-Is PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD
PStV-Icr PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD
PStV-Isb PTLRQIMHHF SDAAEA YIEM RNSERP YM PR YGLLRNLRDK
NLARYAFDFY EVTSKTSD

PStV-Im RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ
PStV-Ib RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ
PStV-Ibs RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ
PStV-Is RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ
PStV-Icr RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ
PStV-Isb RAREAVAQMK AAALSNVNSK LFGLDGNVAT TSENTERHTA
RDVNQNMHTL LGMGSPQ

```

*

Gambar 2. Runutan asam amino protein selubung (CP-PStV) dari strain-strain PStV asal Indonesia dan posisi terjadinya perbedaan residu asam amino akibat mutasi titik pada genom RNA.

Analisis runutan asam amino menggambarkan bahwa hanya dua mutasi titik untuk strain PStV-Ibs pada posisi 9309 dan 9885 dan satu mutasi titik pada strain PStV-Isb pada posisi 9309 yang menyebabkan terjadinya perbedaan asam amino pada translasi sistron CP PStV. Strain PStV-Im, PStV-Ib, PStV-Is, dan PStV-Icr memperlihatkan runutan asam amino CP-PStV yang sama (Gambar 2).

Hasil penelitian ini menggambarkan bahwa keragaman PStV pada tingkat molekul tidak berkorelasi dengan

keragaman yang diamati berdasarkan tipe gejala penyakit. PStV-Im, PStV-Ib, dan PStV-Icr yang menimbulkan gejala yang berbeda ternyata mempunyai runutan nukleotida sistron CP yang sama. Oleh sebab itu, karakter gejala pada infeksi PStV kemungkinan tidak dikendalikan oleh *cp*PStV tetapi dikendalikan oleh gen-gen lain dalam genom PStV.

Tipe gejala dan kisaran tanaman inang virus merupakan karakter yang dikendalikan secara genetika oleh gen virus. Isolat-isolat virus yang menunjukkan

perbedaan gejala penyakit biasanya disebabkan oleh satu atau beberapa mutasi titik pada genom virus (Gibbset, *et al.* 1997). Broglio (1995) melaporkan mutasi titik pada salah satu gen (gen VI) CaMV (*cauliflower mosaic virus*) dapat merubah gejala dan menghilangkan atau mengurangi kemampuan CaMV menginfeksi beberapa tanaman inang. Sebaliknya mutasi titik juga dapat mematahkan ketahanan tanaman inang (Kavanagh *et al.* 1992). Derrick *et al.* (1997) melaporkan delapan asam amino pada protein 126 dan 183 kD mempengaruhi fenotipe gejala infeksi dua strain TMV. Penelitian Weiland dan Edwards (1996) menunjukkan substitusi satu nukleotida pada gen aa dari *barley stripe virus* strain CV42 (BSV-CV42) merubah strain patogenik menjadi nonpatogenik.

KESIMPULAN

1. Terdapat 14 mutasi titik pada sistron CP PStV dan hanya dua mutasi titik yang mengakibatkan perubahan asam amino pada protein selubung virus.
2. Strain-strain PStV asal Indonesia mempunyai kesamaan runutan nukleotida 3' UTR antara 97,6 – 100 %.

DAFTAR PUSTAKA

- Akin, M.H. 2000. Analisis Runutan Nukleotida Gen Protein Selubung Dua Strain *Peanut Stripe Virus*. *J. Perlin. Tan. Ind.* 6 (1): 39 – 46.
- Akin, M.H. & Sudarsono. 1997. Characterization of Peanut Stripe Virus (PStV) Isolated from Various Provinces in Indonesia. *IJTA* 8: 13 – 20.
- Broglio, E.P. 1995. Mutation Analysis of Cauliflower Mosaic Virus Gene VI: Changes in Host Range, Symptoms, and Discovery of Transactivation-Positive, Noninfectious Mutans. *MPMI* 8: 755 – 760.
- Demski, J.W., D.V.R. Reddy, Jr., G. Sowell, & D. Bays. 1984. Peanut Stripe Virus - A New Seed-Borne Potyvirus from China Infecting Groundnut (*Arachis hypogaea*). *Ann. App. Biol.* 105: 495 – 501.
- Derrick, P.M., S.A. Carter, & R.S. Nelson. 1997. Mutation of the Tobacco Mosaic Tobamovirus 126 and 183-kDa Protein: Effects on Phloem-Dependent Virus Accumulation and Synthesis of Viral Proteins. *MPMI* 10(5): 589 – 596.
- Frankel, M. J., C.W. Ward, & D.D. Shukla. 1989. The Use of 3' Non-Coding Nucleotide Sequences in Taxonomy of Potyviruses: Application to Watermelon Mosaic Virus 2 and Soybean Mosaic Virus-N. *J. Gen. Virol.* 70: 2775 – 2783.
- Gibbs, M.J., J. Armstrong, G.F. Weiller, & A.D. Gibbs. 1997. Virus Evolution, A Window on Future. In Tepfer and E. Balazs (Eds.) *Virus-Resistant Transgenic Plants: Potential Ecological Impact*. Springer. Paris.
- Gunashinghe, U.B., S. Flasiniski, R.S. Nelson, & B.G. Cassidy. 1994. Nucleotide Sequence and Genome Organization of Peanut Stripe Potyvirus. *J. Gen. Virol.* 75: 2519 – 2526.
- Kanavagh, T., M. Goulden, S. Santa Cruz, Chapme, I. Barker, & D. Baukcombe. 1992. Molecular Analysis of A Resistance-Breaking Strain of Potato Virus X. *Virol.* 189: 609 – 617.
- Saleh, N., K.J. Middleton, Y. Baliadi, N. Horn, & D.V.R. Reddy. 1989. Research on *Peanut Stripe Virus* in Indonesia. *Summary Proceeding of the Second Coordinators Meeting on Peanut Stripe Virus*. 1 – 4 Agustus 1989. India. p. 9 – 10.
- Shukla, D.D. & C.W. Ward. 1988. Amino Acid Sequence Homology of Coat Proteins as A Basis for Identification and Classification of the Potyvirus Group. *J. Gen. Virol.* 69: 2703 – 2710.
- Thomson, J.D., D.G. Higgins, T.J. Gibson. 1994. Clustal W: Improving the Sensitivity of Progressive Multiple Sequence Alignment through Sequence Weighting, Position-Specific Gap Penalties and Weight Matrix Choice. *Nuc. Acid Res.* 22: 4673 – 4680.

Van Regenmortel, M.H.V., C.M. Fauquet, D.H.L. Bishop, E.B. Carstens, M.K. Estes, S.M. Lemon, J. Maniloff, M.A. Mayo, D.J. McGeoch, C.R. Pringle, & R.B. Wickner. 2000. Virus Taxonomy: The Classification and Nomenclature of Viruses. *The Seventh Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. Academic Press, San Diego. 1167 p.

Ward, C.W. & D.D. Shukla. 1990. Taxonomy of Potyvirus: Current Problems and Some Solutions. *Interviol.* 32: 269 – 296.

Weiland, J.J. & M.C. Edwards. 1996. A Single Nucleotide Substitution in A Gene Confers Oat Pathogenicity to Barley Stripe Mosaic Virus Strain ND18. *MPMI* 9(1): 62 – 67.