

Protein Profile Analysis of Tungro and Dwarf Virus-Infected Rice Plants using SDS-PAGE

Saipul Abbas^{1*}

¹Program Studi Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Lambung Mangkurat, Kota Banjarbaru, Indonesia;

Article History

Received : October 22th, 2023

Revised : October 18th, 2023

Accepted : November 24th, 2023

*Corresponding Author:

Saipul Abbas, Program Studi Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Lambung Mangkurat, Kota Banjarbaru, Indonesia;

Email: saipul.abbas@ulm.ac.id

Abstract: Viruses in rice plants are one of the causes of decreased harvest yields and rice farming productivity. This study aims to analyze the protein profile of viruses in rice plants infected with tungro and dwarf viruses using the SDS-PAGE method. The study includes six plant samples, including tungro-infected plants from Pinrang and Sidrap districts, as well as dwarf virus-infected plants from Sidrap and Wajo districts. Two healthy plant samples were used as a comparison. The SDS-PAGE technique was employed for the separation and analysis of proteins. The protein profile results in tungro-infected plants showed a protein band pattern between 31-116 kDa. Meanwhile, in dwarf virus-infected plants, a protein band pattern between 31-205 kDa was detected. These results indicate variations in protein expression between viruses and significant differences in protein profiles between tungro and dwarf virus-infected plants compared to healthy plants. Therefore, it is expected that this information can aid in designing more effective strategies for controlling virus infections in rice plants.

Keywords: Protein profile, rice viruses, SDS-PAGE.

Pendahuluan

Tanaman padi (*Oryza sativa*) adalah makanan pokok bagi hampir setengah populasi manusia di dunia. Padi dapat ditanam baik dalam kondisi kering maupun basah di berbagai kondisi tanah, iklim, maupun air baik di daerah tropis maupun subtropis (Chauhan *et al.*, 2017). Oleh karena itu, produktivitas dan keberlanjutan pertanian padi sangat penting untuk memenuhi kebutuhan pangan global yang terus meningkat (Muthayya *et al.*, 2014). Sayangnya, tanaman padi sering kali menjadi sasaran bagi serangan virus yang dapat menyebabkan kerusakan yang signifikan terhadap hasil panen. Virus pada tanaman padi merupakan ancaman serius bagi pertanian, mengingat dampak yang bisa menyebabkan penurunan hasil dan kualitas biji padi.

Salah satu langkah penting dalam memahami dampak infeksi virus pada tanaman padi adalah dengan menganalisis profil protein virus yang terlibat dalam infeksi. Profil protein

ini mencakup berbagai jenis protein yang terkandung dalam virus dan dapat memberikan wawasan yang berharga tentang mekanisme infeksi serta perubahan yang terjadi dalam tanaman yang terinfeksi. Pentingnya pemahaman terhadap dampak infeksi virus pada tanaman padi sehingga dapat memotivasi penelitian yang mendalam dalam menganalisis profil protein virus yang terlibat dalam infeksi pada tanaman. Pemahaman terkait profil protein ini mencakup berbagai jenis protein yang terkandung dalam virus dan dapat memberikan wawasan yang sangat penting tentang mekanisme infeksi serta perubahan yang terjadi dalam tanaman yang terinfeksi virus.

Langkah penting dalam memahami dampak infeksi virus pada tanaman padi adalah dengan menganalisis profil protein virus yang terlibat dalam infeksi. Profil protein ini mencakup berbagai jenis protein yang terkandung dalam virus dan dapat memberikan wawasan yang penting tentang mekanisme infeksi serta perubahan yang terjadi dalam

tanaman yang terinfeksi. Dalam pengembangan strategi pengendalian dan pemahaman tentang variasi virus, informasi tentang profil protein virus pada tanaman padi sangat penting. Salah satu teknik yang telah terbukti efektif dalam pemisahan dan analisis protein adalah SDS-PAGE (*sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis*) (Bunai & Yamane, 2005). Teknik SDS-PAGE ini merupakan metode untuk memisahkan protein berdasarkan berat molekulnya dan menjadi salah satu teknik yang sering digunakan dalam bidang biologi molekuler dan biokimia (Di Gorolamo *et al.*, 2010).

Metode SDS PAGE menggunakan arus listrik untuk memisahkan protein berdasarkan berat molekulnya (Roy & Kumar, 2014). SDS PAGE bekerja menggunakan perbedaan kemampuan migrasi dari molekul protein. Hal ini dikarenakan adanya berat molekul protein yang berbeda. (Davis *et al.*, 1994; Campbell *et al.*, 2002). Elektroforesis pada SDS-PAGE menggunakan gel poliakrilamid dan SDS juga dikenal sebagai *Sodium dodecyl sulfate*, sejenis detergen, berfungsi untuk mendenaturasikan protein dengan memberinya muatan negatif dan membuat molekul hidrofobik. (Seidman dan Moore, 2021). Gel yang digunakan dalam SDS-PAGE terdiri dari 2 macam yaitu resolving gel dan stacking gel (Wrolstad *et al.*, 2005). Menurut utami (2007) dan Oktavina (2015), resolving gel berfungsi untuk memisahkan protein berdasarkan berat molekulnya sedangkan stacking gel berfungsi untuk membentuk sumuran (well) dan merapikan protein menjadi satu jalur sehingga sampel dapat bermigrasi secara bersamaan

Running buffer yang digunakan dapat berupa Tris-tricin buffer, Tris-glicin buffer, maupun Tris-asetat buffer. Tris-tricine buffer digunakan untuk memisahkan protein dengan berat molekul yang berukuran kecil (kurang dari 10 kDa) dan perlu direduksi atau didenaturasi sebelum loading, Tris-glicin buffer digunakan untuk memisahkan protein dengan kisaran berat molekul antara 6 – 200 kDa baik protein yang didenaturasi maupun tidak, sedangkan Tris-asetat buffer digunakan untuk memisahkan protein dengan berat molekul yang lebih besar (Gershoni, 1988). Pewarnaan gel hasil SDS-PAGE yang digunakan dapat berupa *Comassie Brilliant Blue* (CBB) dan Pewarnaan perak nitrat

(*silver salt staining*) (Worlstad *et al.*, 2000). Pewarnaan dengan CBB dapat digunakan untuk analisis kuantitatif maupun kualitatif dengan mengikat protein secara spesifik (Gauci *et al.*, 2013) dan biayanya lebih murah, sedangkan silver staining hasil analisisnya lebih sensitif dan akurat akan tetapi membutuhkan biaya yang lebih mahal dan membutuhkan waktu yang lebih lama (Davis *et al.*, 1994).

Permasalahan mendasar yang muncul adalah kerentanan tanaman padi terhadap serangan virus yang dapat menyebabkan penurunan hasil panen secara signifikan. Sehingga, perlu adanya inovasi dan bagaimana mengembangkan strategi pengendalian yang efektif untuk melawan serangan virus tanaman padi, serta bagaimana merancang varietas tanaman yang lebih tahan terhadap virus. Oleh karena itu, informasi dari profil protein ini dapat menjadi salah satu solusi yang ditawarkan untuk memberikan landasan bagi pengembangan penelitian pemuliaan tanaman untuk merakit tanaman yang lebih tahan terhadap virus.

Analisis protein virus pada tanaman padi memiliki dampak yang signifikan pada pertanian dan ketahanan pangan. Dengan mengetahui profil protein virus dan dampak infeksi, kita dapat mengembangkan strategi pengendalian yang lebih efektif. Selain itu, analisis ini juga dapat membantu dalam mendukung pemuliaan tanaman yang tahan terhadap virus, yang akan membantu meningkatkan produktivitas dan keberlanjutan pertanian padi. Penelitian ini bertujuan untuk mengaplikasikan teknik SDS-PAGE untuk menganalisis profil protein virus pada tanaman padi yang terinfeksi. Pemahaman yang lebih baik tentang komposisi protein virus dapat membantu dalam mengidentifikasi jenis-jenis virus yang menginfeksi tanaman padi, mengidentifikasi protein virus yang berperan dalam mekanisme infeksi, dan memahami perubahan yang terjadi pada tanaman yang terinfeksi.

Bahan dan Metode

Ekstraksi protein

Sampel daun padi bergejala virus yang sebelumnya sudah positif berdasarkan hasil PCR (Abbas *et al.*, 2023) dan daun padi yang sehat diambil sebagai pembanding dan dipotong kecil-kecil kemudian ditimbang sebanyak 0,1 gram

dan digerus menggunakan mortar dengan nitrogen cair hingga halus. Hasil gerusan kemudian dimasukkan kedalam tube berukuran 1,5 ml yang telah diberi label sesuai nama sampel, tambahkan pada setiap sampel 1 ml buffer ekstraksi (100 Mm Tris HCL 0,1 M pH 8,0; glycerol 20 % ; SDS 4 %; mercaptoetanol 2 % ; Dionized water) divorteks hingga homogen. Kemudian disentrifuge 12.000 rpm selama 5 menit. Supernatan dipindahkan ke tube 1,5 ml yang baru dan ditambahkan 5x sampel buffer 25 µl pada masing-masing sampel. Rebus sampel pada air mendidih selama 2 menit (Tarkka, 2000). Sampel disimpan pada suhu -20° C dan dapat digunakan untuk analisis secara elektroforesis menggunakan PAGE.

Resolving gel

Buat larutan resolving gel (main gel) SDS-PAGE dengan konsentrasi 12,5 % dengan komposisi 2063 µl Acrylamide, 1250 µl Tris-HCL 1,5 M pH 8,8 , SDS 10 % 50 µl, APS 10 % 50 µl, TEMED 10 µl, dan Aquadest steril 1635 µl (Yudistian, 2012) yang dibuat dalam beaker glass dan kemudian dimasukkan dalam cetakan vertikal Bio-Rad minigel. Campuran gel tersebut dituang terlebih dahulu diantara 2 lempeng kaca hingga mencapai tinggi kurang lebih 5 cm, sisa ruang yang masih ada akan digunakan untuk stacking gel. Gel dibiarkan membeku selama kurang lebih 30 menit pada suhu ruang.

Stacking gel

Buat larutan stacking gel SDS-PAGE dengan konsentrasi 12,5 % yang larutannya dibuat dalam beaker glass dengan komposisi 312,5 µl Tris-HCL, 257,5 µl Acrylamide, 1,5 M pH 6,8 , SDS 10 % 12,5 µl, APS 10 % 3,75 µl, TEMED 2,5 µl, dan Aquadest steril 662,5 µl (Yudistian, 2012). Campuran tersebut dituang kedalam cetakan diatas gel SDS-PAGE yang telah membeku terlebih dahulu kemudian dipasang sisiran dan dibiarkan 30 menit. Pada saat gel telah siap, gel dimasukkan kedalam alat elektroforesis dengan menambahkan 500 ml buffer Elektrode.

Running SDS PAGE

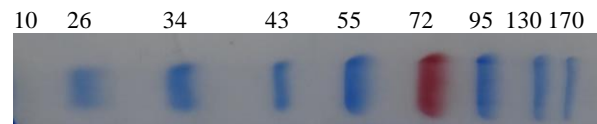
Sebanyak 15 µl Sampel dimasukkan dalam sumuran gel menggunakan mikropipet. Pada salah satu sumur, dimasukkan 7 µl marker protein ladder 10 - 170 kDa dan dielektroforesis pada

100 volt selama 2 jam. Setelah elektroforesis selesai, gel ditransfer, dan berkas protein dapat dilihat dengan mewarnai gel dengan larutan commasie blue 0,2 % dan digojok selama kurang lebih 12 jam menggunakan shaker. Destaining solution (10 % Acetic acid glasial, 50 % Methanol, dan 40 % Aquabidest) digunakan untuk mencuci Gel untuk mempertahankan berkas protein yang dapat dilihat pada gel. Kemudian, pita protein yang dapat dilihat dibandingkan dengan penanda berat molekul protein yang ada pada gel.

Analisis Data

Data analisis pita protein dilakukan secara kualitatif yaitu berat molekul protein sampel diperkirakan dengan membandingkan posisi protein sampel dengan posisi pita protein marker dan membandingkan ada atau tidaknya perbedaan ketebalan antar pita protein menggunakan software *GelAnalyzer* 19.1.

Berat molekul (kDa)



Gambar 1. Marker protein (*MyBiosource, USA*) dengan rentang berat molekul antara 10 - 170 kilodalton (kDa) dengan 30% gel polyacrilamide

Modifikasi pada metode ini juga dapat melibatkan perubahan dalam komposisi buffer, konsentrasi gel, atau langkah-langkah khusus lainnya sesuai dengan kebutuhan penelitian. Modifikasi ini dapat membantu peneliti yang akan datang untuk dapat mengoptimalkan pemisahan protein tertentu atau meningkatkan sensitivitas analisis. Perubahan pada jenis dan konsentrasi buffer yang digunakan dalam proses elektroforesis juga dapat mempengaruhi mobilitas protein dan pemisahan protein saat proses running elektroforesis SDS-PAGE.

Variasi dalam konsentrasi gel (*gel resolving*) juga dapat mempengaruhi rentang berat molekul protein yang dapat dipisahkan dengan baik (Erickson, 2009). Gel dengan konsentrasi yang lebih rendah umumnya cocok untuk memisahkan protein berat molekul yang tinggi, sementara gel dengan konsentrasi yang lebih tinggi lebih baik untuk protein berat

molekul yang rendah. Gel polyacrylamide dibuat dengan konsentrasi yang bervariasi untuk memungkinkan pemisahan protein dalam

rentang berat molekul tertentu. Gel ini dapat terdiri dari dua bagian, yaitu *gel stacking* (pengumpulan) dan *gel resolving* (pemisahan).

Tabel 1. Komposisi bahan analisis profil protein dengan metode SDS PAGE (Hurkman & Tanaka, 1989) sedikit dimodifikasi.

	Komposisi Bahan	Volume
Buffer Ekstraksi	0,1 M Tris HCL pH 8	1 ml
	4 % SDS	4 ml
	2 % <i>Mercaptoethanol</i>	0,2 ml
	20 % Glycerol	2,29 ml
		(dalam 10 ml aquabidest)
5x Sample Buffer	1,5 M Tris pH 6,8	2,5 ml
	SDS	2 gr
	DTT / <i>Mercaptoethanol</i>	0,5 gr / 5 ml
	<i>Bromophenol Blue</i>	10 mg
30 % <i>Polyacrylamide</i>	Glycerin	10 ml
	<i>Acrylamide</i>	29 gr
	<i>bis-acrylamide</i>	1 gr
12 % SDS PAGE	30 % <i>Polyacrylamide</i>	4,8 ml
	1,5 M Tris pH 8	3 ml
	SDS 10 %	0,12 ml
	Aquabidest steril	4,08 ml
5 % Stacking gel	30 % <i>Polyacrilamide</i>	3,33 ml
	1,5 M Tris pH 6,8	2,52 ml
	10 % SDS	0,3 ml
	Aquabidest steril	13,84 ml
Sepasang gel (2 kaca)	5 % Stacking gel.	5 ml
	Temed stacking.	5 µl
	10 % APS	50 µl
		} gel atas
Buffer Elektrode	12 % SDS PAGE	10 ml
	Temed resolving.	10 µl
	10 % APS	100 µl
		} gel bawah
Destaining	Tris	3 gr
	Glycine	14,4 gr
	SDS	1 gr
Staining <i>Comasie Blue</i>		(dalam 1 liter dH ₂ O)
	50 % Methanol	50 ml
	10 % Acetic Acid Glacial 40 %	10 ml
	Aquabidest	40 ml
	0,2 % <i>Comasie blue</i>	0,2 gr
		(dalam 100 ml larutan destaining)

Hasil dan Pembahasan

Analisis SDS-PAGE

Penelitian ini menggunakan 6 sampel tanaman yang terdiri dari 2 sampel tanaman terinfeksi virus tungro yang berasal dari Kabupaten Pinrang dan Sidrap, dan 2 Sampel tanaman yang terinfeksi virus kerdil yang berasal dari Kabupaten Sidrap dan Wajo, dan 2 Sampel tanaman sehat sebagai pembanding. SDS-PAGE sering dijadikan metode untuk mendeteksi berat

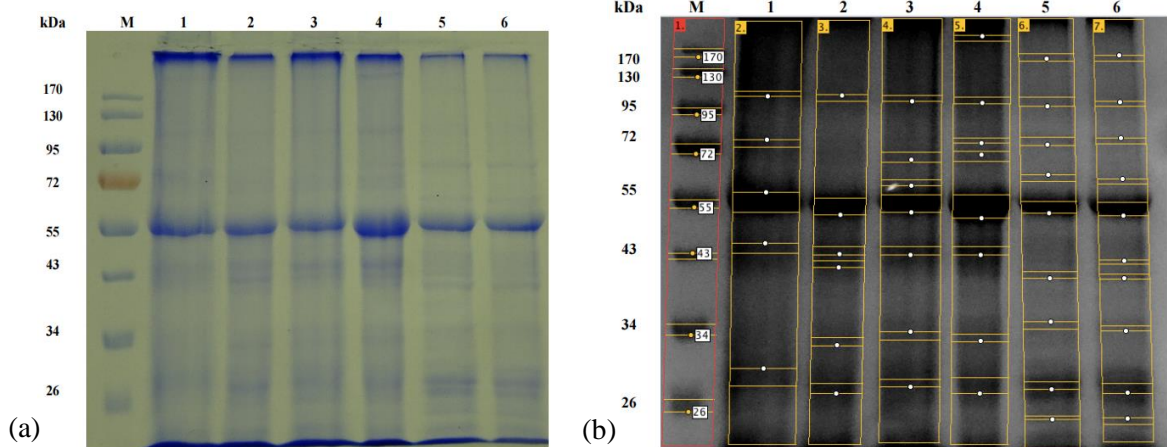
molekul dari protein. Hasil running yang baik akan mempengaruhi kualitas pita protein dan gambar yang dihasilkan. Kualitas pita protein yang baik dapat dihasilkan oleh tingkat kemurnian isolat dan kadar protein yang baik (Retamal *et al*, 1999). Gambar 2 terlihat bahwa hasil analisis pita polipeptida protein terhadap 4 sampel daun padi yang terinfeksi virus dan 2 sampel daun padi sehat. Pola profil protein lane 1-2 berkisar antara 31-116 kDa terlihat pada padi yang terinfeksi virus tungro (Tabel 2).

Berdasarkan penelitian Yee *et al.*, (2017) bahwa ukuran protein Virus tungro RTSV untuk CP1, CP2 dan CP3 berdasarkan berat molekul terdeteksi masing-masing sebesar 36 kDa, 35 kDa dan 46 kDa menggunakan analisis SDS PAGE.

Virus tungro RTBV untuk rCP diekspresikan pada berat molekul sekitar 40 kDa - 50 kDa menggunakan SDS PAGE. Pola pita protein juga terdeteksi dengan kisaran BM mendekati 120 kDa pada tanaman yang terinfeksi virus. Penelitian sebelumnya juga pernah dilakukan oleh Sulistyarsih, (2012) dan menemukan bahwa pita protein terdeteksi dengan kisaran 108 dan 117 kDa, yang diduga bahwa kedua protein tersebut adalah bovine serum albumin dan β -galactosidase yang diekspresikan tanaman padi ketika adanya infeksi dari virus. Sereikaite *et al.*, (2005) menyatakan bahwa bovine serum albumin biasanya digunakan sebagai immunoblots dan tes-enzim yang berhubungan dengan immunosorbent. Selain itu, bovine serum

albumin berfungsi sebagai nutrisi untuk sel mikroba dan mendukung pertumbuhan sel.

Pola profil protein juga diperoleh mendekati 39-49 kDa (Lane 2). Menurut Guoying *et al.*, (1999) berat molekul protein 39 kDa merupakan protein viral spike yang merupakan salah satu komponen protein yang membentuk lonjakan virus yang disandikan oleh segmen genom 9 (S9). Terdapat pula pola pita protein mendekati 31-33 kDa (Lane 3-4) yang diduga milik virus kerdil rumput RGSV dengan berat molekul 34 kDa. Protein ini kemungkinan protein nucleocapsid (ncp) dengan berat molekul sekitar 34-35 kDa pada beberapa sampel padi yang terinfeksi virus. Lane 3-4 juga terdapat pita protein sekitar 68, 70, 77, 107, dan 109 kDa. Penelitian dari Chen *et al.*, (1989) menemukan bahwa ditemukan tiga protein utama pada virion virus RRSV dengan perkiraan berat molekul sekitar 88 dan 113 kDa, yang sebelumnya dilaporkan terdapat dalam inti virus (Hagiwara *et al.*, 1986).



Gambar 2. (a) hasil elektroforesis menggunakan SDS PAGE. M: Marker protein 10-170 kDa, Lane 1-2 Tanaman padi terinfeksi virus tungro, Lane 3-4 Tanaman padi terinfeksi virus kerdil, Lane 5-6 Tanaman padi sehat. (b) hasil analisis berat molekul protein menggunakan software *GelAnalyzer* versi 19.1

Hasil pengamatan juga menunjukkan adanya perbedaan pola profil protein antara tanaman sehat dan tanaman sakit yang terserang virus tungro dan virus kerdil. Hal serupa juga pernah diteliti Helina, (2020) menggunakan SDS PAGE dan pada sampel virus kerdil dengan tingkat keparahan yang berbeda-beda dan mendeteksi protein dengan berat molekul sekitar 33 – 34 kDa, tingkat keparahan puso terekspresi dengan pita protein yang banyak hal ini diduga

bahwa ketebalan pita protein sejalan dengan tingkat keparahan dari infeksi virus kerdil yang terjadi, diduga akibat adanya penambahan coat protein dari virus tersebut. Protein-protein tersebut diduga milik RGSV dan RRSV yang terekspresi pada tanaman padi yang terinfeksi virus kerdil.

Hasil deteksi berat molekul protein mendekati 39-46 kDa yang kemungkinan milik protein spike virus (spike protein) protein spike

ini berperan dalam interaksi virus dengan sel inang dan memainkan peran penting dalam terjadinya infeksi (Setiawan *et al.*, 2021). Saat terjadi infeksi, spike protein akan berikatan dengan reseptornya masing-masing (Fachrurrazie *et al.*, 2022). Spike protein merupakan salah satu komponen virus yang membentuk lonjakan virus. Adanya ekspresi protein spike virus dalam tanaman yang terinfeksi menunjukkan potensi interaksi kunci dalam proses patogenesis. Penelitian ini juga mencatat adanya perbedaan dalam profil protein antara virus tungro dan virus kerdil. Sehingga, penemuan penelitian ini juga dapat mendukung

pemahaman terkait dengan variasi jenis-jenis virus yang menginfeksi tanaman padi dan peran protein virus tersebut dalam patogenesis. Sehingga, Hasil penelitian ini memiliki peran penting dalam pengembangan strategi pengendalian yang lebih efektif terhadap infeksi virus pada tanaman padi. Dengan pemahaman yang lebih baik tentang profil protein virus, memungkinkan pengembangan metode pengendalian yang lebih spesifik. Selain itu, penelitian ini juga memberikan dasar untuk penelitian selanjutnya yang dapat mendalami peran protein virus dalam infeksi dan patogenesis pada tanaman padi.

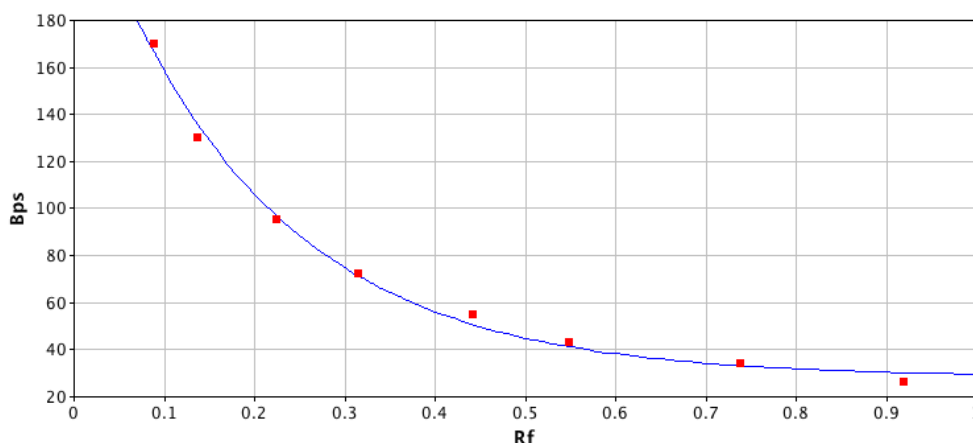
Tabel 2. Berat molekul protein dan nilai Rf dan Rv berdasarkan analisis menggunakan software Gel Analyzer 19.1

Berat Molekul Protein (kDa)													
M	1	2	3	4	5	6							
170	116	116	109	205	163	170							
130	80	49	68	107	105	108							
95	56	41	57	77	77	80							
72	43	39	49	70	62	60							
55	32	33	41	48	50	48							
43		31	33	41	38	40							
34			31	33	34	38							
26				31	31	33							
					30	31							
						30							
Rf / Rv Value													
Rf	Rv	Rf	Rv	Rf	Rv	Rf	Rv	Rf	Rv	Rf	Rv	Rf	Rv
0.089	2028	0.177	406	0.177	1348	0.194	1008	0.04	420	0.093	2564	0.084	2498
0.137	1229	0.279	1123	0.458	75	0.332	2570	0.198	1290	0.203	3601	0.195	1985
0.224	665	0.404	28	0.551	1283	0.393	1552	0.291	1785	0.292	3718	0.281	2881
0.315	672	0.524	1362	0.582	1159	0.457	176	0.32	2968	0.362	2967	0.377	2307
0.442	976	0.821	2851	0.765	2160	0.556	1258	0.467	161	0.453	133	0.464	190
0.549	1325			0.879	1531	0.738	2350	0.554	1248	0.604	2628	0.57	1816
0.739	2904					0.868	1485	0.756	2270	0.704	3216	0.613	1755
0.92	5078							0.879	3971	0.861	1229	0.736	2027
										0.932	1423	0.883	1872
												0.945	2208

Ket: M: Marker Protein, Rf : Retardation factor, Rv: Raw Volume

Hasil persamaan kurva kalibrasi yang dihasilkan adalah $y = 217.390386 * \exp(-5.145142 * x) + 28.360467$, dengan koefisien determinasi (R^2) sebesar 0.982. R^2 yang tinggi menandakan bahwa persamaan tersebut cukup baik karena semakin mendekati angka 1 maka persamaan regresi linear yang didapatkan semakin bagus dalam memodelkan hubungan antara variabel independen (x) dan variabel dependen (y) (Angeli *et al.*, 2022). Hubungan ini

diasosiasikan dengan ekspresi matematis yang bersifat eksponensial, di mana nilai 'y' dipengaruhi oleh faktor eksponensial dari nilai 'x'. Koefisien pada persamaan, seperti 217.390386 dan -5.145142, memberikan pengetahuan tentang sejauh mana dan arah hubungan antara konsentrasi atau parameter yang diukur dengan hasil yang dihasilkan oleh software.



Gambar 3. Kurva kalibrasi software Gel Analyzer 19.1 pada 6 sampel yang dideteksi.
 $y = 217.390386 * \exp(-5.145142 * x) + 28.360467$, $R^2 = 0.982$

Nilai positif atau negatif koefisien dapat memberikan informasi apakah terdapat hubungan langsung atau terbalik antara variabel-variabel tersebut. Sehingga, koefisien tersebut menggambarkan seberapa kuat pengaruh variabel 'x' terhadap variabel 'y'. Selain itu, nilai intersep pada sumbu 'y' (28.360467) memberikan nilai 'y' ketika konsentrasi atau parameter yang diukur ('x') sama dengan nol. Hal ini menunjukkan bahwa terdapat pemahaman yang penting untuk interpretasi hasil pengukuran dan penggunaan model dalam mengonversi hasil analisis menjadi konsentrasi yang relevan.

Hasil dari kurva kalibrasi ini mengindikasikan bahwa model matematis yang dihasilkan oleh software Gel Analyzer 19.1 dapat diandalkan dan akurat dalam mengonversi hasil pengukuran berat molekul protein menjadi nilai konsentrasi atau parameter yang sesuai. Sehingga, metode pengukuran ini dapat menjadi salah satu alternatif model pengukuran yang praktis dalam menganalisis sampel dengan menggunakan software *GelAnalyzer* 19.1. Namun, perlu adanya pemahaman lebih lanjut dan validasi eksperimental yang dapat diperlukan untuk memastikan kecocokan metode ini dengan berbagai kondisi dan jenis sampel yang mungkin dihadapi dalam konteks penggunaan yang lebih luas dan terukur.

Kesimpulan

Penelitian ini menunjukkan bahwa metode SDS-PAGE dan *GelAnalyzer* merupakan metode yang berguna dalam menganalisis profil protein

virus pada tanaman padi dan memprediksi berat molekul suatu protein. Hasil penelitian ini menunjukkan adanya variasi dalam profil protein antara tanaman yang terinfeksi virus tungro dan virus kerdil dengan tanaman padi sehat. Hasil penelitian ini juga mendukung pentingnya analisis profil protein dalam memahami infeksi virus dan interaksi protein virus terhadap tanaman padi. Data ini juga dapat digunakan sebagai dasar untuk pengembangan strategi pengendalian yang lebih efektif serta pemahaman lebih lanjut tentang peran protein virus dalam patogenesis dan melindungi tanaman padi dari serangan virus yang merugikan.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kepala Laboratorium Pusat Studi Bioteknologi - PAU Universitas Gadjah Mada, yang telah memberikan bantuan dengan alat dan bahan yang diperlukan selama penelitian ini, sehingga penelitian ini dapat diselesaikan dengan baik.

Referensi

Abbas, S., Sulandari, S., Hartono, S., Daud, I. D., & Djaya, E. (2023). Molecular Detection Of Five Mixed Rice Viruses By Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR). *Pakistan Journal of Phytopathology*, 35(1), 25-34. DOI: <https://doi.org/10.33866/phytopathol.035.01.0793>

- Angeli, L., Conversano, F., Dall'Asta, A., Eggebø, T., Volpe, N., Marta, S., ... & Ghi, T. (2022). Automatic measurement of head-perineum distance during intrapartum ultrasound: description of the technique and preliminary results. *The Journal of Maternal-Fetal & Neonatal Medicine*, 35(14), 2759-2764. DOI: <https://doi.org/10.1080/14767058.2020.1799974>
- Bunai, K., & Yamane, K. (2005). Effectiveness and limitation of two-dimensional gel electrophoresis in bacterial membrane protein proteomics and perspectives. *Journal of Chromatography B*, 815(1-2), 227-236. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jchromb.2004.08.030>
- Campbell, N. A., Reece, J. B., & Mitchell, L. G. (2002). *Biology*, Fifth Edition.
- Chen, C. C., Hsu, Y. H., Chen, M. J., & Chiu, R. J. (1989). Comparison of proteins and nucleic acids of Echinochloa ragged stunt and rice ragged stunt viruses. *Intervirology*, 30(5), 278-284. DOI: <https://doi.org/10.1159/000150103>
- Chauhan, B. S., Jabran, K., & Mahajan, G. (Eds.). (2017). *Rice production worldwide* (Vol. 247). Cham, Switzerland: Springer International Publishing. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-47516-5>
- Davis, L., Kuehl, M., & Battey, J. (1994). Basic method in molecular biology Noiwalk. *Appleton and Lange*, 310-3.
- Di Girolamo, F., Ponzi, M., Crescenzi, M., Alessandrini, J., & Guadagni, F. (2010). A simple and effective method to analyze membrane proteins by SDS-PAGE and MALDI mass spectrometry. *Anticancer research*, 30(4), 1121-1129.
- Erickson, H. P. (2009). Size and shape of protein molecules at the nanometer level determined by sedimentation, gel filtration, and electron microscopy. *Biological procedures online*, 11, 32-51. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12575-009-9008-x>
- Fachrurrazie, F., Cahyotomo, A., Untung, J., Panglipur, H. S., Solihat, I., Tirta, A. P., & Wulanawati, A. (2022). Pendekatan secara in silico senyawa inhibitor ACE2 dari Senyawaan Ekstrak Asparagus Sebagai Kandidat Obat SARS-CoV-2. *Warta Akab*, 46(1). DOI: <https://doi.org/10.55075/wa.v46i1.83>
- Gershoni, J. M. (1988). Protein blotting: a manual. *Methods of biochemical analysis*, 1-58. DOI: <https://doi.org/10.1002/9780470110546.ch1>
- Guoying, Z., Xiongbing, L. U., Huijuan, L. U., Juanli, L. E. I., Shengxiang, C., & Zuxun, G. (1999). Rice ragged stunt oryzavirus: role of the viral spike protein in transmission by the insect vector. *Annals of Applied Biology*, 135(3), 573-578. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1999.tb00888.x>
- Gauci, V. J., Padula, M. P., & Coorsen, J. R. (2013). Coomassie blue staining for high sensitivity gel-based proteomics. *Journal of proteomics*, 90, 96-106. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.01.027>
- Hagiwara, K., Minobe, Y., Nozu, Y., Hibino, H., Kimura, I., & Omura, T. (1986). Component proteins and structure of rice ragged stunt virus. *Journal of general virology*, 67(8), 1711-1715. DOI: <https://doi.org/10.1099/0022-1317-67-8-1711>
- Helina, S., Sulandari, S., Trisyono, A., & Hartono, S. (2020). Assessments of yield losses due to double infection of rice ragged stunt virus and rice grassy stunt virus at different severity in the field, yogyakarta, indonesia. *Pakistan Journal of Phytopathology*, 32(2), 129-136. DOI: <https://doi.org/10.33866/phytopathol.030.02.0578>
- Muthayya, S., Sugimoto, J. D., Montgomery, S., & Maberly, G. F. (2014). An overview of global rice production, supply, trade, and consumption. *Annals of the new york Academy of Sciences*, 1324(1), 7-14. DOI: <https://doi.org/10.1111/nyas.12540>
- Oktavina, M. A. (2015). Pola Protein Sekret Kelenjar Parotoid Tiga Spesies Kodok dan Sekret Kelenjar Kulit Katak Kongkang Racun (*Odorrana hosii* Boulenger, 1891) Melalui SDS-PAGE. *Prosiding KPSDA*, 1(1).

- Roy, S., & Kumar, V. (2014). A practical approach on SDS PAGE for separation of protein. *International Journal of Science and Research*, 3(8), 955-960. DOI: <https://doi.org/10.12988/astp.2014.48109>
- Retamal, C. A., Thiebaut, P., & Alves, E. W. (1999). Protein purification from polyacrylamide gels by sonication extraction. *Analytical Biochemistry*, 268(1), 15-20. DOI: <https://doi.org/10.1006/abio.1998.2977>
- Seidman, L. A., Moore, C. J., & Mowery, J. (2021). *Basic laboratory methods for biotechnology: Textbook and laboratory reference*. CRC Press. DOI: <https://doi.org/10.1201/9780429282799>
- Setiawan, A. Y. D., Putri, R. I., Indayani, F. D., Widiasih, N. M. S., Anastasia, N., Setyaningsih, D., & Riswanto, F. D. O. (2021). Kandungan kimia dan potensi bawang merah (*Allium cepa* L.) sebagai inhibitor SARS-CoV-2. *Indonesian Journal of Chemometrics and Pharmaceutical Analysis*, 143-155. DOI: <https://doi.org/10.22146/ijcpa.3584>
- Sulistiyarsi, A., Suranto, S., & Supriyadi, S. (2012). Pola pita protein total wereng hijau (*Nephotettix virescens*) dan daun tanaman padi (*Oryza sativa*) yang terinfeksi virus tungro. *Asian Journal of Tropical Biotechnology*, 9(1), 32-35. DOI: <https://doi.org/10.13057/biotek/c090103>
- Wrolstad, R. E., Acree, T. E., Decker, E. A., Penner, M. H., Reid, D. S., Schwartz, S. J., & Sporns, P. (Eds.). (2005). *Handbook of food analytical chemistry, volume 1: Water, proteins, enzymes, lipids, and carbohydrates*. John Wiley & Sons.
- Yudistian. (2012). Gel Electrophoresis (SDS-PAGE). <https://doctorstory.wordpress.com/2012/03/17/gel-electrophoresis-sds-page/> Diakses tanggal 19 November 2023.
- Yee, S. F., Chu, C. H., Poili, E., & Sum, M. S. H. (2017). Expression and the antigenicity of recombinant coat proteins of tungro viruses expressed in *Escherichia coli*. *Journal of virological methods*, 240, 69-72. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2016.12.001>