



## Identifikasi dan Penentuan Pohon Filogenetik *Spodoptera frugiperda* Asal Jawa Berdasarkan Analisis Sekuen MtDNA COI

### Identification and Phylogenetic Tree Determination of *Spodoptera frugiperda* from Java Based on MtDNA COI Sequence Analysis

Ani Widarti <sup>1)\*</sup>, Enie Tauruslina<sup>1)</sup>, Idah Faridah<sup>1)</sup>, Willing Bagariang<sup>1)</sup>, Hadi Suyanto<sup>1)</sup>, Didah Mahmudah<sup>1)</sup>, Rista Susanti<sup>1)</sup>, Rosalia Maryana<sup>1)</sup>, Carwika<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBPOPT), Kementerian Pertanian Indonesia di Kabupaten Karawang, Provinsi Jawa Barat

\*E-mail: [aniandara20@gmail.com](mailto:aniandara20@gmail.com)

Diterima: 30 April 2022

Disetujui: 29 Juni 2022

Dipublikasi: 30 Juni 2022

#### ABSTRACT

Molecular confirmation of the existence of *Spodoptera frugiperda* J.E. Smith (Lepidoptera: Noctuidae) on Java Island has not been widely reported. This study aimed to identify the armyworm from Java Island molecularly based on DNA mitochondrial cytochrome oxidase I (MtDNA COI). There were six armyworms collected from West Java Province (Cirebon - JWB1, Garut - JWB2), Central Java Province (Wonogiri - JWTH), East Java Province (Gresik - JWTR), DI Yogyakarta Province (Bantul - DIY), and Banten Province (Serang - BNT). The results showed that the fall armyworm originating from Java was verified as *Spodoptera frugiperda*. There were species variations between them, which had species similarity between regions and countries, namely the species similarity of *S. frugiperda* Java and West Sumatra, as well as to China, Korea, and India. *S. frugiperda* from Central Java (JWTH), Banten (BNT), West Java 1 (JWB1), and Yogyakarta (DIY) had species similarity to *S. frugiperda* from Solok (No. Acc. MW876212.1), West Pasaman (No. Acc. MW876211.1), China (No. Acc. MK591010.1) and Korea (No. Acc. MN427930.1). Meanwhile, *S. frugiperda* West Java (JWB2) and East Java had species similarity to *S. frugiperda* from India (No. Acc. MT732476.1), Padang Pariaman (No. Acc. MW876208.1), and Tanah Datar (No. Acc. MW876210.1).

Keywords: Fall armyworm, Java Island, Mitokhondria Cytochrome oxidase I, PCR

#### PENDAHULUAN

Ulat grayak jagung *Spodoptera frugiperda* J.E. Smith (Lepidoptera: Noctuidae) atau *fall armyworm* (FAW) tergolong serangga invasif yang berasal dari negara beriklim tropis dan sub tropis, yaitu Negara Amerika Selatan dan Karibia serta negara bagian Amerika Serikat (Nonci et al., 2019). Di

Indonesia, hama ini pertama kali ditemukan awal tahun 2019 di daerah Sumatera Barat (Kementan, 2019), kemudian menyerang tanaman jagung di Lampung (Trisyono et al., 2019) dan Jawa Barat (Maharani et al., 2019). Saat ini, *S. frugiperda* sudah ditemukan hampir di setiap provinsi di Indonesia. Bagariang et al. (2020) menginformasikan bahwa Balai

Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBPOPT) telah menemukan hama ini pada tanaman jagung di 29 provinsi pada Tahun 2020.

*S. frugiperda* tergolong hama yang bersifat polifag, antara lain dapat menyerang lebih dari 80 spesies tanaman (Maharani et al., 2019). Inang utamanya adalah tanaman pangan dari kelompok Graminae yang memiliki nilai ekonomi tinggi seperti jagung, padi, gandum, sorgum, dan tebu (Subiono, 2019). Dilaporkan oleh FAO dan CABI (2019), kerugian yang terjadi pada tanaman jagung di Negara Afrika dan Eropa akibat serangannya mencapai 8,3 – 20,6 Juta ton per tahun.

Larva *S. frugiperda* menyukai daun muda yang masih menggulung dan menyerang titik tumbuh sehingga mengakibatkan kegagalan pembentukan pucuk/ daun muda. Daun yang dimakan menjadi berlubang, yang merupakan ciri khas serangan pada daun. Selain itu, serbuk kasar menyerupai serbuk gergaji biasanya ditemukan di atas permukaan atau di sekitar pucuk tanaman sebagai bekas gerakan larva (Nonci et al. 2019). Apabila populasi rendah, larva sulit dideteksi, namun apabila populasi sangat tinggi, hama ini dapat menyerang tongkol sehingga menyebabkan kerusakan langsung pada hasil panen. Menurut Nagoshi dan Meagher (2004), terdapat 2 strain ulat grayak *S. frugiperda* saat ini, yaitu strain R dan strain C. Strain R merupakan hama tanaman padi dan strain C menyerang banyak tanaman. Meskipun demikian, inang yang diserang *S. frugiperda* tidak menunjukkan *strain* spesifiknya.

Tanaman jagung merupakan salah satu tanaman pertanian penting di Indonesia sehingga keberadaan dan perkembangan populasi *S. frugiperda* perlu diwaspadai. Tindakan *monitoring* dan verifikasi *S. frugiperda* sangat diperlukan untuk mencegah terjadinya ledakan hama dan menentukan strategi penanganannya. Sampai saat ini

metode paling umum untuk mendukung verifikasi adalah identifikasi secara morfologi. Beberapa ciri khusus yang dimiliki spesies *S. frugiperda* di antaranya adalah kepala berwarna gelap dan terdapat motif “Y” terbalik, memiliki pita (garis tebal) pada sisi lateral, terdapat 4 buah bintik yang besar (pinacula) pada abdomen segmen 8 (Maharani et al., 2019).

Identifikasi secara morfologi dapat dilakukan dengan baik apabila sampel larva atau imago dalam kondisi baik. Apabila sampel tidak dalam kondisi baik, dikhawatirkan ciri spesifik *S. frugiperda* tidak teramati sehingga hasil identifikasi menjadi tidak valid. Oleh karena itu diperlukan metode identifikasi yang akurat dan tidak tergantung pada kondisi sampel, salah satunya adalah identifikasi secara molekuler menggunakan DNA mitokondria sitokrom oksidase I (MtDNA COI) Maulana (2021).

MtDNA memiliki beberapa kelebihan antara lain tidak mengalami perubahan genetik yang diakibatkan oleh rekombinasi, memiliki daerah terkonservasi antar taksa sehingga dapat dijadikan sebagai cetakan untuk desain *primer* yang bersifat universal, memiliki banyak *copy* dalam sel sehingga memudahkan dalam memperoleh sampel yang diinginkan, memiliki laju evolusi tinggi sehingga dapat menunjukkan perbedaan antar taksa (Bernasconi et al., 2000). Lunt et al. (1996) mengemukakan bahwa struktur dan ukuran gen COI terkonservasi pada semua organisme aerobik. Banyak ahli yang menggunakan gen COI untuk identifikasi spesies, antara lain lalat buah (Lengkong, 2017), laba laba (Robinson et al., 2009), dan serangga laut *Gerrodidae* dengan primer LCO 1490 dan HCO 2198 (Maramis dan Warouw, 2014). *S. frugiperda* juga dapat diidentifikasi dengan gen COI (Matthew et al., 2017; Calle et al., 2015). Bahkan Nagoshi et al. (2017) telah meng-

gunakannya untuk identifikasi *strain* spesifik inang *S. frugiperda*.

Fragmen dari gen MtDNA COI ini sering digunakan untuk menyimpulkan filogeni (Souza et al., 2016). Urutan nukleotida sekuen gen COI juga dapat digunakan untuk menyusun pohon filogenetik, yang digunakan untuk merekonstruksi hubungan antar organisme dan memperkirakan perbedaan yang terjadi dari satu nenek moyangnya (*ancestor*) kepada keturunannya, preferensi inang, perilaku spesies, dan menganalisis kedekatan spesies antar daerah dan sebarannya (Maulana 2021). Menurut LIPI (2020), kegiatan koleksi serangga yang dilengkapi dengan data genomik bermanfaat untuk memahami sifat biologi dan menghasilkan data yang relatif akurat dan konsisten untuk identifikasi tingkat spesies. Selain itu, data genomik dapat digunakan untuk mengkaji kedekatan dan keragaman spesies *S. frugiperda* melalui pendekatan analisis filogenetik. Hidayat dan Pancoro (2008) menyebutkan bahwa salah satu fungsi analisis hubungan kedekatan dan keragaman adalah sebagai dasar penyusunan strategi pengendalian *based on gene diversity*. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi dan menentukan pohon filogenetik *S. frugiperda* yang berasal dari Pulau Jawa dengan menggunakan analisis sekuen DNA COI.

## METODOLOGI

Pelaksanaan pengujian dilakukan di laboratorium Molekuler Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBP-OPT) pada Bulan Juni – Oktober 2021. Pengambilan dan koleksi sampel telah dilakukan pada Tahun 2019 – 2020 di enam lokasi di Pulau Jawa.

### Metode

Identifikasi dilakukan terhadap sampel larva dari 6 lokasi menggunakan analisis

sekuen DNA berdasarkan gen mitokondria sub unit sitokrom oksidase I (COI). Untuk proses identifikasi ditambahkan kontrol positif dan kontrol negatif. Kontrol positif adalah sampel larva ulat grayak yang telah diuji dan diidentifikasi secara molekuler menggunakan primer LCO 1490 dan HCO 2198 dengan teknik PCR sekuensing. Adapun kontrol negatif berupa sampel larva yang ditambahkan ddH<sub>2</sub>O sebagai pengganti *template* DNA.

Pohon filogenetik ditentukan menggunakan metode *Neighbour-Joining Tree*, kemudian diuji secara statistik menggunakan metode *bootstrap* sebanyak 1000 kali ulangan. Sebagai pembanding, diambil sekuen gen COI dari *S. frugiperda* dan *S. littoralis* dari data yang terdeposit dalam GenBank, yaitu isolat China, India, dan Korea. Hasil analisis juga dibandingkan dengan *S. frugiperda* asal Solok, Pasaman Barat, Padang Pariaman, dan Tanah Datar yang merupakan isolat asal Provinsi Sumatera Barat yang dikoleksi pada Tahun 2019.

### Lokasi pengambilan sampel

Sampel ulat grayak jagung dikoleksi dari pertanaman jagung di Kabupaten Cirebon dan Garut (Provinsi Jawa Barat), Kabupaten Wonogiri (Provinsi Jawa Tengah), Kabupaten Gresik (Provinsi Jawa Timur), Kabupaten Bantul (Provinsi Yogyakarta), dan Kabupaten Serang (Provinsi Banten). Pengambilan sampel dilakukan dengan mendatangi lokasi yang dilaporkan terjadi serangan ulat grayak *S. frugiperda*. Larva ulat grayak yang ditemukan, dimasukkan ke dalam botol fial berisi alkohol 70%. Masing - masing sampel diberi label yang berisi notasi penamaan sampel, tanggal, waktu, tempat, dan deskripsi lokasi pengambilan sampel kemudian dibawa ke laboratorium untuk dilakukan pengujian. Sampel larva dalam botol fial disimpan dalam

freezer bersuhu  $-20^{\circ}\text{C}$  untuk mencegah kerusakan sampel.

#### **Persiapan identifikasi berdasarkan gen *COI***

Tahapan identifikasi secara molekuler terdiri atas isolasi, amplifikasi, dan visualisasi DNA. Isolasi DNA *S. frugiperda* mengacu protokol kerja DNeasy® *blood and tissue kit* (Qiagen). Amplifikasi DNA dengan teknik *polymerase chain reaction* (PCR) dilakukan setelah memperoleh hasil isolasi DNA. Amplifikasi wilayah *COI* menggunakan primer menurut Matthew et al. (2017) yaitu LCO 1490 (5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G -3') dan HCO 2198 (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3') dengan panjang produk 650 pb. Reaksi PCR dilakukan menggunakan *Cytiva Lifescience™ illustra™ PuReTaq Ready-To-Go™ PCR Beads*.

Tabung PCR yang berisi PCR mix disiapkan. Sebanyak 20,5  $\mu\text{L}$  ddH<sub>2</sub>O steril ditambahkan ke dalam tabung PCR yang berisi PCR mix. Primer *forward* dan *reverse* dengan konsentrasi 10 pmol, sebanyak masing – masing 1,25  $\mu\text{L}$  primer dimasukkan ke dalam tabung. Lalu, template DNA sebanyak 2  $\mu\text{L}$  dimasukkan sehingga diperoleh campuran dengan volume 25  $\mu\text{L}$ . Untuk keperluan sekuensing, jumlah masing-masing bahan yang dicampurkan dikali dua sehingga diperoleh campuran dengan volume 50  $\mu\text{L}$ . Program PCR yang digunakan adalah pemanasan awal pada suhu  $95^{\circ}\text{C}$  selama 5 menit, denaturasi pada suhu  $94^{\circ}\text{C}$  selama 30 detik, *annealing* pada suhu  $51^{\circ}\text{C}$  selama 30 detik, ekstensi pada suhu  $72^{\circ}\text{C}$  selama 60 detik. Proses *denaturation*, *annealing*, dan *extension* dijalankan sebanyak 35 siklus. Ekstensi akhir dijalankan pada suhu  $72^{\circ}\text{C}$  selama 10 menit. Setelah itu, akhir siklus dipertahankan pada suhu  $4^{\circ}\text{C}$ .

#### **Visualisasi DNA**

Visualisasi DNA merupakan tahap penentuan hasil. Terlebih dahulu dibuat gel

agarosa 2% dengan cara mencampurkan 1 g agarosa dan bufer TAE 1X sebanyak 50 mL lalu dipanaskan pada suhu  $300 - 350^{\circ}\text{C}$  hingga mendidih dan larutan menjadi bening. Larutan agarose dituangkan ke dalam cetakan agar hingga memadat. DNA hasil PCR dengan primer LCO 1490 dan HCO 2198 dielektroforesis dengan gel agarosa pada mesin elektroforesis bertegangan 94 V dan kuat arus 100 Ampere selama 45 menit. Hasil elektroforesis kemudian direndam dengan larutan Sybr green selama 45 menit lalu divisualisasi pada *transiluminator* UV untuk mengamati ukuran pita DNA dan dipotret dengan kamera digital.

#### **Perunutan basa DNA**

Perunutan dilakukan terhadap hasil amplifikasi gen *COI* oleh *FirstBASE Laboratories* Malaysia, kemudian dianalisis menggunakan program *basic local alignment search tool* (BLAST) untuk mendapatkan homolog urutan basa DNA sesuai *National Center for Biotechnology Information* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>).

#### **Analisis pohon filogenetik dengan metode *Neighbour-Joining Tree***

Adanya perbedaan tempat dalam pengambilan sampel mendorong untuk melakukan analisis pohon filogenetik. Analisis dilakukan dari hasil perunutan Basa DNA gen *COI* menggunakan program MEGA X dengan metode *neighbor-joining tree*. Metode ini digunakan untuk mengukur perbedaan basa atau asam amino dari hasil sekuen gen *COI*. Semakin sedikit perbedaan asam amino, menunjukkan adanya kemiripan genetik sekuen gen *COI* dari individu yang dibandingkan. Berdasarkan komputasi statistik hasil ulangan *bootstrap* 1000 kali diperoleh angka yang menunjukkan persentase.

Analisis ini dapat mengkonstruksi hubungan tingkat kedekatan genetik inter-

spesies atau intraspesies (Maulana 2021). Isolat *S. frugiperda* yang berada dalam kelompok yang sama berarti memiliki kemiripan dan kedekatan secara genetik. Angka yang muncul pada pohon filogenetik menunjukkan persentase nilai *bootstrap*. *Boostraping* adalah pengujian kestabilan terhadap pohon filogenetik yang disusun. Semakin tinggi nilai *bootstrap* semakin stabil pengelompokan kedekatan genetik berdasarkan sekuen gen COI dalam pohon filogenetik yang disusun (Dharmayanti 2011).

### HASIL

#### Morfologi *S. frugiperda*

Dari pengamatan secara morfologi yang dilakukan terhadap 6 sampel larva, yang dikoleksi dari 6 Kabupaten dan 5 Provinsi di Pulau Jawa, diyakini semuanya merupakan ulat grayak jagung *Spodoptera frugiperda*

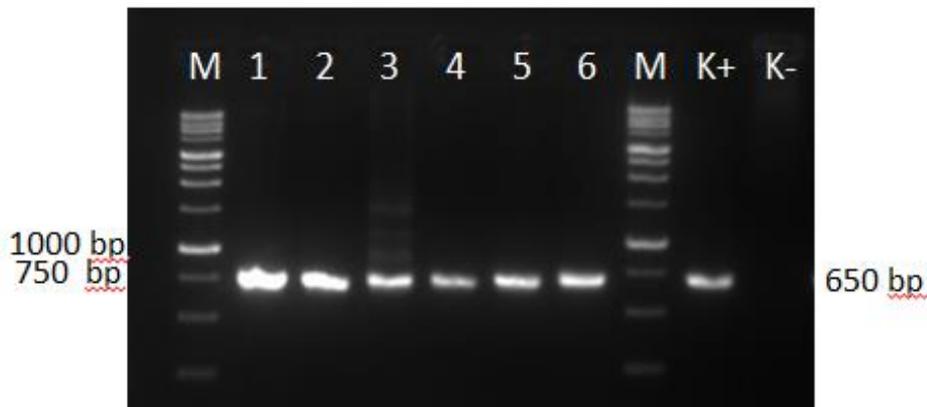
(Gambar 1). Berdasarkan waktu koleksi, maka diduga serangga ini sudah menyebar di Pulau Jawa sejak Bulan Juni 2019 (Tabel 1).



Gambar 1. Sampel ulat grayak jagung yang diambil pada pertanaman jagung di Kabupaten Cirebon (I), Serang (II), Bantul (III), Wonogiri (IV), Garut (V), dan Gresik (VI)

Tabel 1. Pengoleksian sampel jagung yang berasal dari 5 Provinsi di Pulau Jawa

Nama sampel	Asal Sampel	Provinsi	Waktu koleksi
JWB 1	Cirebon	Jawa Barat	Juni, 2019
BNT	Serang	Banten	Juni, 2019
JWB 2	Garut	Jawa Barat	Maret, 2020
JWTR	Gresik	Jawa Timur	Juni, 2020
DIY	Bantul	DI Yogyakarta	September, 2019
JWTH	Wonogiri	Jawa Tengah	Desember, 2019



Gambar 2. Fragmentasi DNA hasil amplifikasi sampel ulat grayak *S. Frugiperda* asal Pulau Jawa menggunakan primer LCO 1490 dan HCO 2198 dengan M penanda DNA (Bioline) Keterangan isolat *S. frugiperda*: 1. JWB1; 2. JWB2; 3. JWTH; 4. JWTR; 5. DIY; 6. BNT; K+; kontrol positif; K-; kontrol negatif.

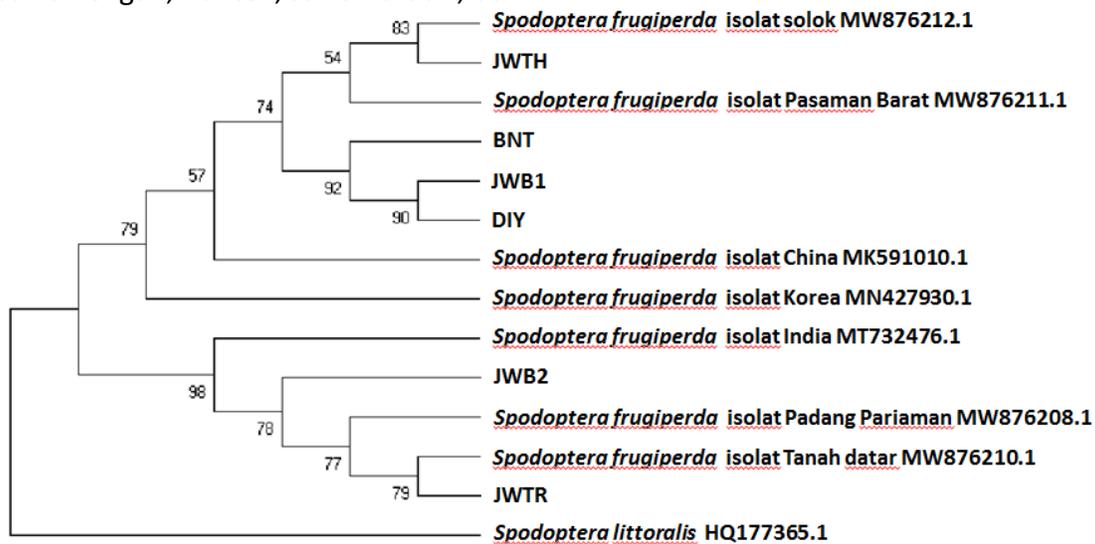
Tabel 2. Homologi nukleotida gen COI (LCO 1490 dan HCO 2198) isolat ulat grayak jagung asal Jawa dengan *Spodoptera frugiperda* yang tersedia di GenBank dengan program BLAST

Asal isolat <i>S. frugiperda</i>	Kode isolat	Query cover (%)	Kemiripan (%)	Asal Negara	No akses GenBank
Cirebon, Jawa Barat	JWB1	98	99.70	India	OK178018.1
Garut, Jawa Barat	JWB2	99	99.85	India	MN541574.1
Wonogiri, Jawa Tengah	JWTH	99	99.41	Indonesia	MW876211.1
Gresik, Jawa Timur	JWTR	99	99.71	India	MN541574.1
Bantul, DI Yogyakarta	DIY	98	99.85	India	MT677868.1
Serang, Banten	BNT	99	99.56	India	OK178018.1

### Analisis pohon filogenetik sekuen COI dengan metode Neighbor-Joining Tree

Analisis pohon filogenetik pada penelitian ini dapat menggambarkan 3 kelompok kedekatan spesies antar daerah dan antar negara, yaitu adanya kedekatan antara *S. frugiperda* Jawa dengan Sumatera Barat, serta kedekatan dengan Negara China, Korea dan India. *S. frugiperda* yang dikoleksi dari Jawa Tengah, Banten, Jawa Barat 1, dan

Yogyakarta memiliki kedekatan dengan isolat China (No.Acc MK591010.1), Korea (No.Acc MN427930.1), Solok (No.Acc MW876212.1), dan Pasaman Barat (No.Acc MW876211.1). Adapun *S. frugiperda* Jawa Barat 2 dan Jawa Timur memiliki kemiripan dengan isolat India (No.Acc MT732476.1), Padang Pariaman (No.Acc MW876208.1), dan Tanah Datar (No.Acc MW876210.1) (Gambar 3).



Gambar 3. Konstruksi pohon filogenetik dari sekuen nukleotida gen COI dengan metode neighbor-joining tree: JWTH = Jawa Tengah, BNT = Banten, JWB 1 = Jawa Barat 1, DIY = Yogyakarta, JWB 2 = Jawa Barat 2, JWTR = Jawa Timur.

### PEMBAHASAN

Berdasarkan ciri-ciri morfologinya, dapat diketahui bahwa seluruh sampel yang ditemukan memiliki ciri-ciri *S. frugiperda* (Gambar 1). Berdasarkan hasil analisis

penyejajaran yang dilakukan, 6 (enam) isolat ulat grayak jagung asal Pulau Jawa terverifikasi secara molekuler sebagai *Spodoptera frugiperda* dengan nilai Query cover berkisar 98 – 99% dan kemiripan di atas 99% (Tabel 1).

Hal ini menunjukkan bahwa *S. frugiperda* sudah menyebar di pertanaman jagung Kabupaten Cirebon dan Garut (Provinsi Jawa Barat), Kabupaten Wonogiri (Provinsi Jawa Tengah), Kabupaten Gresik (Provinsi Jawa Timur), Kabupaten Bantul (Provinsi Yogyakarta), dan Kabupaten Serang (Provinsi Banten) sejak Bulan Juni Tahun 2019. Verifikasi ini mendukung beberapa laporan sebelumnya terkait terjadinya serangan *S. frugiperda* di Pulau Jawa yaitu Maharani et al. (2019) di Kabupaten Bandung, Garut, dan Sumedang (Provinsi Jawa Barat); Lubis et al. (2020) di Kabupaten Bogor (Provinsi Jawa Barat); Sartiami et al. (2020) di Kabupaten Bogor (Provinsi Jawa Barat) dan Kabupaten Lebak dan Serang (Provinsi Banten). Berdasarkan hasil penelitian yang dilakukan oleh Sartiami et al. (2020) diketahui bahwa *S. frugiperda* yang menyerang tanaman jagung di Banten adalah *R-Strain*.

Hasil penyejajaran nukleotida hasil sekuen gen COI dengan *S. frugiperda* yang tersedia di GenBank menunjukkan bahwa *S. frugiperda* JWB1, BNT, JWB2, JWTR, dan DIY memiliki kemiripan dengan isolat *S. frugiperda* asal India. Isolat JWTH memiliki kemiripan dengan isolat *S. frugiperda* asal Indonesia (Tabel 1).

Negara India merupakan negara di Benua Asia yang pertama kali melaporkan adanya serangan ulat grayak *S. frugiperda* pada pertanaman jagung di Karnataka (Desmukh et al., 2018). Setelah itu, serangan meluas hingga ke Provinsi Yunan, Cina pada Bulan Januari 2019 (Xiao-xu et al., 2019). Subiono (2019) menduga bahwa *S. frugiperda* yang menyerang tanaman jagung di Kalimantan berasal dari China daratan lalu bermigrasi ke Thailand, Myanmar, Malaysia - Serawak, dan kemudian masuk Indonesia. Berdasarkan data hasil penelitian ini, diduga kuat bahwa *S. frugiperda* yang menyerang

pertanaman di Pulau Jawa berasal dari India yang masuk ke Indonesia melalui China.

Beberapa laporan menyebutkan proses migrasi *S. frugiperda* di Indonesia. Hama ini pada awalnya berasal dari bagian Tropis dan Sub Tropis di Amerika. Sejak tahun 2016, hama ini menyebar ke berbagai wilayah di dunia mulai dari Afrika Barat dan Afrika Tengah (Goergen et al., 2016) serta beberapa negara di Asia (pertama kali terjadi di Negara India) pada tahun 2018 (CABI, 2020). Pada Tahun 2019, *S. frugiperda* pertama kali dilaporkan menyerang pertanaman jagung di Sumatera Barat (Kementan, 2019). Saat ini, hama ini telah tersebar di 33 Provinsi di Indonesia (BBPOPT, 2022, tidak dipublikasikan). Penyebaran *S. frugiperda* yang begitu cepat melintasi beberapa negara atau wilayah ini disebabkan oleh beberapa faktor di antaranya kemampuan adaptasi yang baik pada lingkungan yang baru, kemampuan terbang yang jauh mencapai ratusan kilometer (100 km/malam) dan terbawa alat transportasi (Westbrook et al., 2016; Faulkner et al., 2017).

Pohon filogenetik yang diperoleh dapat menggambarkan adanya kedekatan spesies antar daerah dan antar negara, yaitu adanya kedekatan antara *S. frugiperda* Jawa dengan Sumatera Barat, serta kedekatan dengan Negara China, Korea dan India. *S. frugiperda* yang dikoleksi dari Jawa Tengah, Banten, Jawa Barat 1, dan Yogyakarta memiliki kemiripan dengan isolat China, Korea, Solok, dan Pasaman Barat. Adapun *S. frugiperda* Jawa Barat 2 dan Jawa Timur memiliki kemiripan dengan isolat India, Padang Pariaman, dan Tanah Datar (Gambar 3).

Apabila ditinjau dari waktu koleksi sampel (Tabel 1), sampel *S. frugiperda* Jawa Barat 1, Banten, Jawa Tengah, dan Yogyakarta merupakan sampel yang diambil pada Tahun 2019, sedangkan sampel Jawa Barat 2 dan Jawa Timur diambil pada Tahun 2020.

Sampel yang diambil pada tahun yang sama, cenderung memiliki kemiripan sekuen gen COI sehingga memiliki kedekatan secara genetik.

Hal ini menunjukkan bahwa variasi genetik *S. frugiperda* telah terjadi di Pulau Jawa dalam kurun waktu kurang lebih 1 tahun. Menurut Belay et al. (2012), *S. frugiperda* memang memiliki variasi genetik yang tinggi (Belay et al. 2012). Clark et al. (2007) melaporkan 23 variasi genetik *S. frugiperda* dari Meksiko, Amerika Serikat, Puerto Rico, Brasil, dan Argentina, sedangkan Belay et al. (2012) melaporkan 31 variasi genetik *S. frugiperda* dari Amerika Serikat, Argentina, Panama, dan Puerto Rico.

### KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian diketahui bahwa ulat grayak yang berasal dari Jawa terverifikasi sebagai *Spodoptera frugiperda*. Ditemukan adanya variasi genetik antar isolat, yang memiliki kedekatan spesies antar daerah dan antar negara, yaitu kedekatan antara *S. frugiperda* Jawa dengan Sumatera Barat, serta kedekatan dengan Negara China, Korea dan India. *S. frugiperda* asal Jawa Tengah (JWTH), Banten (BNT), Jawa Barat 1 (JWB1), dan Yogyakarta (DIY) memiliki kedekatan genetik dengan *S. frugiperda* asal Solok (No. Acc. MW876212.1), Pasaman Barat (No. Acc. MW876211.1), China (No. Acc. MK5910101) dan Korea (No. Acc. MN4279-30.1). Sedangkan *S. frugiperda* Jawa Barat2 (JWB2) dan Jawa Timur memiliki kedekatan genetik dengan *S. frugiperda* asal India (No. Acc. MT7324761), Padang Pariaman (No. Acc. MW876208.1), dan Tanah Datar (No. Acc. MW876210.1).

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Ir. Mustaghfirin sebagai Koordinator Kelompok Substansi Program dan Evaluasi

Balai Besar Peramalan OPT, Dr. Kresnamurti Tri Kurniasih, S.Si., M.Si sebagai analis Perkarantina Badan Karantina Pertanian, dan PT. Genetika Science yang telah berkontribusi dalam pelaksanaan penelitian ini.

### DAFTAR PUSTAKA

- Bagariang W, E Tauruslina, U Kulsum, T Murniningtyas PL, H Suyanto, Surono, NA Cahyana, D Mahmudah. 2020. Efektifitas insektisida berbahan aktif klorantraniliprol terhadap larva *Spodoptera frugiperda* (JE Smith). Jurnal Proteksi Tanaman 4(1): 29 – 37.
- Belay DK, PL Clark, SR Skoda, DJ Isenhour, J Molina-Ochoa, C Gianni, dan JE Foster. 2012. Spatial genetic variation among *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) sampled from the United States, Puerto Rico, Panama, and Argentina. Annual Entomological Society of America 105 (2):359-367.
- Bernasconi MV, J Pawlowski, C Valsangiacomo, JC Piffaretti dan PI Ward PI. 2001. Phylogeny of the genus *Scathophaga* (Diptera: Scathophagidae) inferred from mitochondrial DNA sequences. Canadian Journal of Zoology 79: 517-524.
- CABI. 2020. *Spodoptera frugiperda* (Fall Armyworm). <https://www.cabi.org/ISC/fallarmyworm> [diakses: 15 Mei 2021].
- Calle DC, RE Arango-Isaza, CI Salmando-Benjumea. 2015. Molecular identification of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) corn and rice strains in Columbia by using a PCR-RFLP of the mitochondrial gene-cytochrome oxidase I (COI) and PCR of the gene FR (for rice). Annals of the Entomological Society of America 108(2): 172-180.
- Clark PL, J Molina-Ochoa, S Martinelli, SR Skoda, DJ Isenhour, DJ Lee, JT Krumm,

- JE Foster. 2007. Population variation of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda*, in the Western Hemisphere. *Journal of Insect Science* 7(5): 1-10.
- Dharmayanti NLPI. 2011. Filogenetika molekuler: Metode taksonomi organisme berdasarkan sejarah evolusi. *Wartazoa* 21(1): 1-10.
- Desmukh S, Kalleshwaraswamy CM, Asokan R, Swamy HMM, Maruthi MS, Pavithra HB, Hegde K, Navi S, Prabhu ST, Georgen G. 2018. First report of the Fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (J E Smith) (Lepidoptera: Noctuidae), an alien invasive pest on maize in India. *Journal of Pest Management in Horticultural Ecosystems* 24(1): 23–29.
- Food and Agriculture Organization, CABI [FAO dan CABI]. 2019. Community-based fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) monitoring, early warning and management. Training of Trainers Manual. 1<sup>st</sup> Edition. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome.
- Goergen G, P Kumar, S Sangkung, A Togola dan M Tamo. 2016. First report of outbreaks of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (JE smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a new alien invasive pest in West and Central Africa. *PLoS ONE* 11(10): e0165632.
- Hidayat T dan A Pancoro. 2008. Kajian filogenetika molekuler dan peranannya dalam menyediakan informasi dasar untuk meningkatkan kualitas sumber genetik anggrek. *Jurnal AgroBiogen* 4(1): 35-40.
- Kementerian Pertanian [Kementan]. 2019. Pengenalan fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J. E. Smith) hama baru pada tanaman jagung di Indonesia. Balai Penelitian Tanaman Serealia. Jakarta.
- Lengkong M, J Palealu, M Tulung, V Mantiri, dan EF Lengkong. 2017. Identification on genetic diversity in *Bactrocera* spp. from Minahasa Regency based on COI barcode. *International Journal of ChemTech Research* 10(9): 974-982.
- Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia [LIPI]. 2020. Peran sistematika ngengat untuk mendukung keefektifannya dalam pengendalian hama. [diakses: 2021 Desember 2019].
- Lunt DH, DX Zhang, JM Szymura, dan GM Hewlitt. 1996. The insect cytochrome oxidase I gene: Evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology* 5(3): 153–165.
- Maharani Y, VK Dewi, Puspasari LT, L Rizkie. Y Hidayat, dan D Dono. 2019. Cases of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* J.E. Smith (Lepidoptera: Noctuidae) attack on maize in Bandung, Garut, Sumedang district, West Java. *Jurnal Cropsaver* 2(1): 38-46.
- Maramis RTD dan V Warouw. 2014. Karakterisasi DNA CO1 serangga laut *Gerridae* yang berasal dari Pantai Mokupa Sulawesi Utara. *Jurnal Pesisir dan Laut Tropis* 1(1): 1-7.
- Matthew JWC, PK Besheh, AG Buddie, G Caffa, dan J Crozier. 2017. Molecular methods to detect *Spodoptera frugiperda* in Ghana, and implications for monitoring the spread of invasive spesies in developing countries. *Scientific Reports* 7 (4103): 1-10.
- Maulana D. 2021. Perjalanan ulat grayak jagung (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) ke Indonesia. [Skripsi]. Institut Pertanian Bogor. Indonesia.
- Nagoshi RN, D Koffi, K Agboka, KA Tounou, R Banerjee, dan JL Jurat-Fuentes. 2017. Comparative molecular analyses of invasive fall armyworm in Togo reveal

- strong similarities to populations from the Eastern United States and the Greater Antilles. PLoS ONE 12(7): e0181982.
- Nagoshi RN dan RL Meagher. 2004. Seasonal distribution of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) host strains in agricultural and turf grass habitats. Environmental Entomology 33: 881- 889.
- Nonci N, SH Kalqutny, H Mirsam, A Muis, M Azrai, dan M Aqil. 2019. Pengenalan fall armyworm. (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) hama baru pada tanaman jagung di Indonesia. Balai Penelitian Tanaman Serealia. Maros.
- Robinson EA, GA Blagoev, PDN Hebert, dan SJ Adamowicz. 2009. Prospects for using DNA barcoding to identify spiders in species-rich genera. ZooKeys 16: 27-46.
- Sartiami D, Dadang, IS Harahap, YM Kusumah, dan R Anwar. 2020. First record of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) in Indonesia and its occurrence in three provinces. IOP Science 468.
- Subiono T. 2019. Preferensi *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) pada beberapa sumber pakan. Jurnal Agroteknologi Tropika Lembab 2(2): 130–134.
- Souza HV, SRC Marchesin, dan MM Itoyama. 2016. Analysis of the mitochondrial COI gene and its informative potential for evolutionary inferences in the families Coriidae and Pentatomidae (Heteroptera). Genetica Molecular Research 15(1): 1-14.
- Xiao-xu S, H Chao-xing, J Hui-ru, W Qiu-lin, S Xiu-jing, Z Sheng-yuan, J Yu-ying, dan W Kong-ming. 2019. Case study on the first immigration of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* invading into China. Journal of Integrative Agriculture 18(10): 2-10.
- Trisyono Y, Suputa, V Aryuwandari, M Hartaman dan Jumari. 2019. Occurrence of heavy infestation by the fall armyworm *Spodoptera frugiperda*, a new alien invasive pest, in corn in Lampung Indonesia. Jurnal Perlin-dungan Tanaman Indonesia 23(1): 156-160.