JPT: Jurnal Proteksi Tanaman
(Journal of Plant Protection)
ISSN : 2580-0604, Online ISSN: 2621-3141
Terakreditasi: Sinta 4

Vol 6 No.1 (2022): 44 – 53
Website:http://jpt.faperta.unand.ac.id/index.php/jpt

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*, Enie Tauruslina, Idah Faridah, Willing Bagariang, Hadi Suyanto, Didah Mahmudah, Rista Susanti, Rosalia Maryana, Carwika

Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBPOPT), Kementerian Pertanian Indonesia di Kabupaten Karawang, Provinsi Jawa Barat

*E-mail: 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) merupakan serangga invasif yang berasal dari Amerika Selatan, Karibia, dan beberapa negara bagian Amerika Serikat (Nonci et al., 2019). Di Indonesia, hama ini pertama kali ditemukan pada awal tahun 2019 di Sumatera Barat (Kementan, 2019), kemudian ditemukan juga di Lampung (Trisyono et al., 2019) dan Jawa Barat (Maharani et al., 2019). Hingga tahun 2020, *S. frugiperda* telah ditemukan di hampir seluruh provinsi di Indonesia, ber-dasarkan laporan dari Balai Besar Peramalan Organisme Pengganggu Tumbuhan (BBPOPT) bahwa hama ini

menyerang tanaman jagung di 29 provinsi (Bagariang et al., 2020).

S. frugiperda dikenal sebagai hama polifag yang mampu menyerang lebih dari 80 spesies tanaman (Maharani et al., 2019). Inang utamanya berasal dari Family *Graminae* seperti jagung, padi, gandum, sorgum, dan tebu yang memiliki nilai ekonomi tinggi (Subiono, 2019). FAO dan CABI (2019) melaporkan bahwa kerugian akibat serangan *S. frugiperda* pada tanaman jagung di Afrika dan Eropa mencapai 8,3–20,6 juta ton per tahun. Larva hama ini lebih menyukai daun muda yang masih meng-gulung dan sering menyerang titik tumbuh tanaman, menyebabkan kegagalan pemben-tukan pucuk dan daun baru. Karakteristik serangan khasnya adalah lubang pada daun serta adanya serbuk kasar menyerupai serbuk gergaji di sekitar pucuk tanaman sebagai sisa gerekan larva (Nonci et al., 2019).

Populasi yang tinggi dapat menyebab-kan serangan hingga ke tongkol jagung, mengakibatkan kerusakan langsung pada hasil panen. Nagoshi dan Meagher (2004) melaporkan adanya dua strain *S. frugiperda*, yaitu strain R yang menyerang padi dan strain C yang menyerang berbagai tanaman lainnya. Namun, inang yang diserang tidak selalu menunjukkan spesifikasinya terhadap strain tertentu. Mengingat pentingnya tanaman jagung bagi sektor pertanian Indonesia, monitoring dan verifikasi keberadaan serta populasi *S. frugiperda* sangat diperlukan untuk mencegah ledakan hama dan menentukan strategi pengendaliannya.

Verifikasi *S. frugiperda* selama ini paling umum dilakukan melalui identifikasi morfologi. Beberapa ciri khas spesies ini antara lain kepala berwarna gelap dengan motif "Y" terbalik, pita lateral pada tubuh, serta empat bintik besar (*pinacula*) pada segmen ke-8 abdomen larva (Maharani et al., 2019). Identifikasi morfologi memerlukan kondisi sampel yang baik, sehingga apabila sampel mengalami kerusakan, pengamatan ciri spesifiknya bisa menjadi sulit dan berpotensi menghasilkan identifikasi yang tidak valid. Oleh karena itu, metode identifikasi yang lebih akurat dan tidak bergantung pada kondisi sampel, salah satunya melalui analisis molekuler meng-gunakan DNA mitokondria sitokrom oksidase I (mtDNA COI) (Maulana, 2021).

MtDNA memiliki beberapa keunggulan, antara lain tidak mengalami perubahan akibat rekombinasi, memiliki daerah ter-konservasi antar taksa yang memungkinkan desain primer universal, serta terdapat dalam jumlah banyak di dalam sel sehingga memudahkan amplifikasi DNA (Bernasconi et al., 2000). Lunt et al. (1996) menyatakan bahwa gen COI memiliki struktur dan ukuran yang terkonservasi pada semua organisme aerobik, sehingga banyak digunakan untuk identifikasi spesies, termasuk lalat buah (Lengkong, 2017), laba-laba (Robinson et al., 2009), dan serangga laut *Gerridae* dengan primer LCO 1490 dan HCO 2198 (Maramis dan Warouw, 2014). Gen COI juga telah digunakan untuk mengidentifikasi *S. frugiperda* hingga ke tingkat strain spesifik (Matthew et al., 2017; Calle et al., 2015; Nagoshi et al., 2017).

Fragmen gen MtDNA COI sering digunakan dalam analisis filogenetik untuk merekonstruksi hubungan evolusi antar organisme, memperkirakan perbedaan dari nenek moyang ke keturunannya, serta menganalisis preferensi inang dan distribusi spesies (Souza et al., 2016; Maulana, 2021). Koleksi serangga yang dilengkapi data genomik dapat memberikan informasi lebih akurat dan konsisten dalam identifikasi spesies, serta mengkaji kedekatan dan keragaman spesies *S. frugiperda* meng-gunakan pendekatan filogenetik (LIPI, 2020). Hidayat dan Pancoro (2008) menyebutkan bahwa pemahaman hubungan kekerabatan

dan keanekaragaman genetik dapat menjadi dasar dalam merancang strategi pengendalian berbasis keragaman genetik. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis pohon filogenetik *S. frugiperda* dari Pulau Jawa menggunakan analisis sekuen DNA mitokondria 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_2O 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% untuk menjaga integritas morfologi dan DNA. 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 lebih lanjut. Sampel larva dalam botol fial disimpan dalam freezer bersuhu -20^{o}C untuk mencegah kerusakan sampel sebelum dilakukan ekstraksi DNA dan analisis molekuler guna memastikan identitas spesies dengan teknik DNA barcoding.

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 µL ddH_2O steril ditambahkan ke dalam tabung PCR yang berisi

PCR mix. Primer *forward* dan *reverse* dengan konsentrasi 10 pmol, sebanyak masing – masing 1,25 µL primer dimasukkan ke dalam tabung. Lalu, template DNA sebanyak 2 µL dimasukkan sehingga diperoleh campuran dengan volume 25 µL. Untuk keperluan sekuensing, jumlah masing-masing bahan yang dicampurkan dikali dua sehingga diperoleh campuran dengan volume 50 µL. Program PCR yang digunakan adalah pemanasan awal pada suhu 95°C selama 5 menit, denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 51°C selama 30 detik, extensi pada suhu 72°C selama 60 detik. Proses *denaturation*, *annealing*, dan *extension* dijalankan sebanyak 35 siklus. Ekstensi akhir dijalankan pada suhu 72°C selama 10 menit. Setelah itu, akhir siklus dipertahankan pada suhu 4°C.

Visualisasi DNA

Visualisasi DNA merupakan tahap penentuan hasil. Terlebih dahulu dibuat gel agarosa 2% dengan cara mencampurkan 1 g agarosa dan buffer TAE 1X sebanyak 50 mL lalu dipanaskan pada suhu 300 – 350 ^{o}C hingga mendidih dan larutan menjadi bening. Larutan agarosa 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 beresolusi tinggi untuk dokumentasi lebih lanjut.

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) dan memastikan kesesuaian dengan spesies *S. frugiperda* yang teridentifikasi, serta mengevaluasi tingkat similaritas dan validitas hasilnya.

Analisis pohon filogenetik dengan metode *Neighbour-Joining Tree*

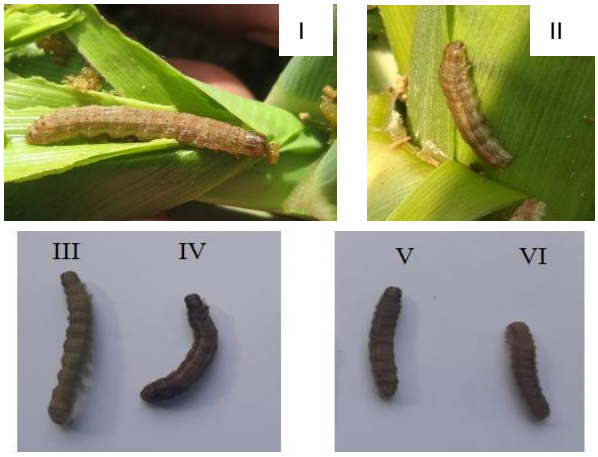
Adanya perbedaan tempat dalam pengambilan sampel mendorong untuk melakukan analisis pohon filogenetik. Analisis dilakukan dari hasil perunutan basa DNA gen COI menggunakan program MEGA X dengan metode *neighbor-joining tree*. Metode ini digunakan untuk mengukur perbedaan basa atau asam amino dari hasil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

Analisis ini dapat mengkonstruksi hubungan tingkat kedekatan genetik interspesies 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. Bootstrapping adalah pengujian kestabilan terhadap pohon filogenetik yang disusun. Semakin tinggi nilai bootstrap semakin stabil pengelompokan kedekatan genetik berdasar-kan sekuen gen COI dalam pohon filogenetik yang disusun (Dharmayanti 2011).

HASIL

Morfologi *S. frugiperda*

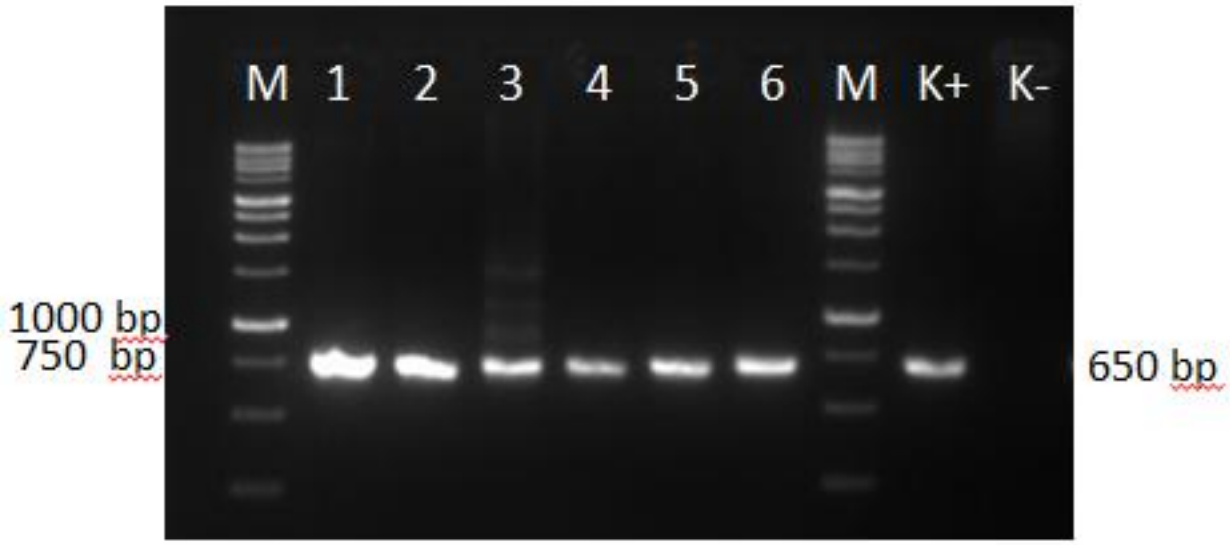
Dari pengamatan secara morfologi yang dilakukan terhadap 6 sampel larva, yang dikoleksi dari 6 Kabupaten dan 5 Provinsi di Pulau Jawa, diyakini semuanya merupakan ulat grayak jagung *Spodoptera frugiperda*. Ciri-ciri morfologi yang diamati mencakup pola warna tubuh, bentuk kepala, serta karakteristik spirakel yang khas pada spesies ini (Gambar 1). Berdasarkan waktu koleksi sampel *S. frugiperda*, maka diduga serangga ini sudah menyebar di Pulau Jawa sejak Bulan Juni 2019 (Tabel 1).



Gambar 1. Sampel ulat grayak jagung: 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



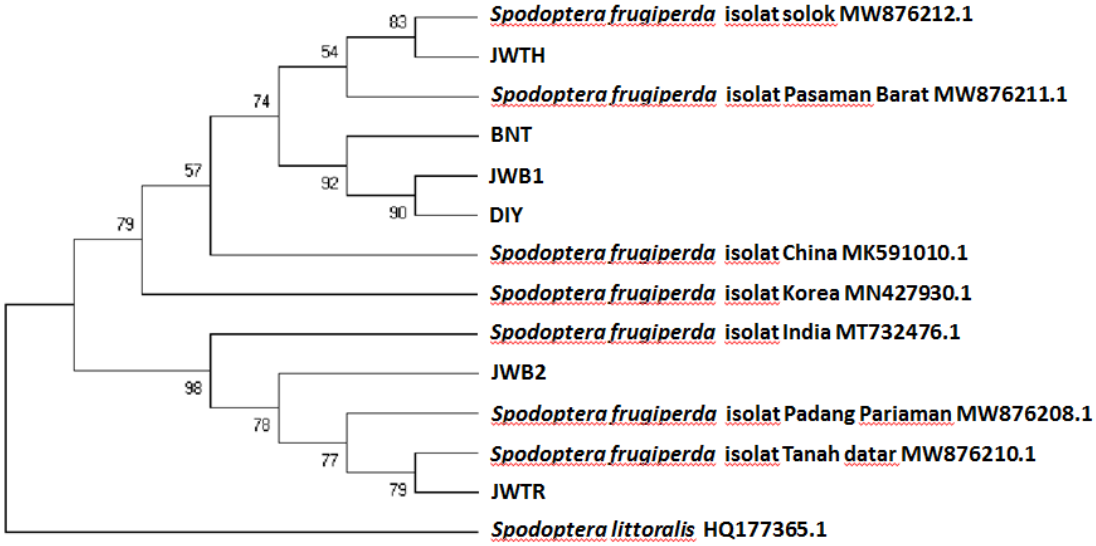
Gambar 2. Fragmentasi DNA hasil amplifikasi sampel ulat grayak *S. Frugiperda* asal Pulau Jawa menggunakan primer LCO 1490 dan HCO 2198 dengan M penanda DNA (Bioline) Keterangan isolat *S. frugiperda*: 1. JWB1; 2. JWB2; 3. JWTH; 4. JWTR; 5. DIY; 6. BNT; K+; kontrol positif; K-; kontrol negatif.

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 *S. frugiperda*	Kode isolat	*Query cover* (%)	Kemiripan (%)	Asal Negara	No aksesi 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, JawaTimur	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 Paria-man, 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

Hasil penelitian menunjukkan bahwa ulat grayak asal Jawa terverifikasi sebagai *Spodoptera frugiperda*. Terdapat variasi spesies di antara keduanya, yang memiliki kesamaan spesies antar daerah dan negara, yaitu kesamaan spesies *S. frugiperda* Jawa dan Sumatera Barat, serta ke Cina, Korea, dan India. *S. frugiperda* asal Jawa Tengah (JWTH), Banten (BNT), Jawa Barat 1 (JWB1), dan Yogyakarta (DIY) memiliki kesamaan spesies dengan *S. frugiperda* asal Solok (No. Acc. MW876212.1), Pasaman Barat (No. Acc. MW876211.1), Cina (No. Acc. MK591010.1) dan Korea (No. Acc. MN427930.1). Sementara itu, *S. frugiperda* Jawa Barat (JWB2) dan Jawa Timur memiliki kesamaan spesies dengan *S. frugiperda* dari India (No. Acc. MT732476.1), 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 Perkarantinaan 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 Scatho-phaga (Diptera: Scathophagidae) infer-red from mitochondrial DNA sequen-ces. 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-cytochrom oxydase 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 frugi-*

perda, 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 Horti-cultural 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. 1st 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. *PLoSONE* 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 Hewltt. 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 Beseh, 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. PLoSONE 12(7): e0181 982.

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 occu-rence 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 evoluyionary 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-jing2, 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 Perlindungan Tanaman Indonesia 23(1)**:** 156-160.