



Keanekaragaman *strain* ulat grayak jagung *Spodoptera frugiperda* (Smith) berdasarkan marker COI dan Tpi dengan kajian kepadatan populasi di Bali

Genetic diversity of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (Smith) strains based on COI and Tpi markers with population density analysis in Bali

Dheya Cintya Monica*, Yai Munara Kusumah, I Wayan Winasa

Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, IPB University, Jalan Kamper, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680, Indonesia

Penulis korespondensi:

Dheya Cintya Monica
(cintyamonica008@gmail.com)

Diterima: Juli 2024

Disetujui: Februari 2025

Sitasi:

Monica DC, Kusumah YM, Winasa IW. Keanekaragaman *strain* ulat grayak jagung *Spodoptera frugiperda* (Smith) berdasarkan marker COI dan Tpi dengan kajian kepadatan populasi di Bali. *Jurnal Entomologi Indonesia*. 22(1):41–51. DOI: <https://doi.org/10.5994/jei.22.1.41>

ABSTRAK

Spodoptera frugiperda (Smith) atau ulat grayak jagung (UGJ) adalah hama perusak tanaman jagung yang berasal dari Benua Amerika, menyebabkan kerusakan sebesar 50% pada komoditas jagung di Bali. Identifikasi keanekaragaman *strain* secara molekuler dengan *mitochondrial cytochrome oxidase subunit I gene* (gen mtCOI) dan *triosephosphate isomerase* (Tpi) serta pemantauan kepadatan populasi dapat dijadikan salah satu metode dasar untuk deteksi dan pengendalian hama. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui *strain* UGJ di Bali berdasarkan penanda gen COI dan Tpi serta kepadatan populasi UGJ pada beberapa lokasi di Bali. Penelitian ini melalui beberapa tahap, yaitu koleksi sampel UGJ, ekstraksi DNA, amplifikasi, visualisasi, sekuensing DNA, pengamatan kepadatan populasi UGJ, dan analisis data. Data dianalisis dengan program GeneStudio dan BioEdit untuk *editing* dan *alignment*, serta menggunakan MEGA 11 untuk konstruksi pohon filogeni. Hasil analisis sekuen berdasarkan polimorfisme pada gen COIB menunjukkan sampel dari beberapa lokasi di Bali teridentifikasi *strain* padi (41,67%) dan *strain* jagung (58,33%) dengan haplotipe *strain* jagung 100% adalah h4 FAW[FL] dari Florida. Sementara berdasarkan Tpi, 100% sampel teridentifikasi sebagai *strain* jagung dengan haplotipe Ca1 dan Ca2. Pada penelitian ini, keanekaragaman UGJ di Bali terdiri atas dua *strain* dan satu haplotipe berdasarkan COIB (COI-R dan COI-Ch4), sedangkan berdasarkan Tpi hanya terdapat satu *strain* dengan dua haplotipe (Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2). Kepadatan populasi UGJ tertinggi ditemukan di petak Tabanan, yaitu 6,8 larva/unit contoh. Larva instar awal (2–3) ditemukan mendominasi pada tanaman umur 3 MST, sementara instar lanjut (4–6) ditemukan mendominasi pada umur tanaman 5 MST.

Kata kunci: gen mitokondria, *host strain*, kepadatan populasi, polimorfisme, spesies invasif

ABSTRACT

Spodoptera frugiperda (Smith), known as fall armyworm (FAW), originating from America that devastates corn crop, causing up to 50% damage to corn crops in Bali. Molecular identification of strain diversity using mitochondrial cytochrome oxidase subunit I gene (mtCOI) and triosephosphate isomerase gene (Tpi) markers also population density monitoring are a fundamental method for monitoring, detecting and controlling these pests. This research aims to determine FAW strain based on COI and Tpi markers and their population density analysis at representative sites in Bali. This study involved several stages: samples collection; DNA extraction; amplification, visualization; Population density observation and sequencing; and data analysis. Data were analyzed using GeneStudio and BioEdit for editing and alignment, and MEGA 11 for constructing phylogenetic tree. Sequence analysis based on COIB indicated that samples from Bali comprised of 41.67% rice strains and 58.33% corn strains, with 100% of corn strain haplotypes being h4 FAW [FL] from Florida. Based on Tpi marker, 100% of the samples were identified as corn strains with haplotypes Ca1 and Ca2. This study found that the FAW diversity in Bali consists of two strains and one haplotype based on COI (COI-R and COI-Ch4), while based on Tpi, there is only one strain with two haplotypes (Tpi-Ca1 and Tpi-Ca2). The highest population density of FAW was observed in the Tabanan plot, with 6.8 larvae/sample unit. Early instar larvae (2–3) were predominant in 3 WAP whereas late instar larvae (4–6) were predominant in 5 WAP.

Key words: host strain, invasive species, mitochondrial gene, polymorphism, population density

PENDAHULUAN

Spodoptera frugiperda (Smith) atau ulat grayak jagung (UGJ) adalah hama perusak tanaman jagung. Ulat grayak jagung juga dapat merusak tanaman jenis lain, seperti padi, kapas, dan sorgum karena sifatnya yang polifag. Ulat grayak jagung adalah hama invasif yang menimbulkan kerugian ekonomi tinggi pada tanaman jagung, padi, dan sorgum. Ulat grayak jagung merupakan jenis hama baru di Indonesia yang berasal dari Benua Amerika dan telah menyebar ke beberapa negara. Sampai saat ini, UGJ menjadi perhatian baik bagi para petani jagung maupun peneliti karena sifatnya yang invasif dan kerusakan yang ditimbulkan. Hama UGJ mampu menimbulkan kerusakan pada kisaran 20–100% di Indonesia (Mukun et al. 2021; Supartha et al. 2021b; Lestari et al. 2020; Yudha et al. 2024).

Ulat grayak jagung di Indonesia mulai dilaporkan masuk pada tahun 2019, pertama kali ditemukan di Sumatra dan mulai menyebar ke beberapa daerah lain di tahun yang sama, termasuk Bandung, Garut, dan Sumedang (Sartiami et al. 2020). Hama UGJ sudah dilaporkan menginvasi Bali sejak 2020, mulai dari dataran rendah dan pada akhirnya sudah menyebar luas ke seluruh Provinsi Bali (Supartha et al. 2021b). Kerusakan tanaman yang terserang UGJ di Bali termasuk cukup berarti, yaitu mendekati 50% dan mengakibatkan fluktuasi produksi jagung (Supartha et al. 2021b; Herlinda et al. 2022).

Berdasarkan fenomena tersebut, deteksi hama tersebut sangat dibutuhkan. Identifikasi suatu spesies hingga tingkat *strain* atau haplotipe diperlukan untuk mempelajari pola distribusi dan dispersal dari spesies tersebut. Untuk itu, dapat digunakan penanda gen seperti *mitochondria cytochrome oxidase subunit I* (mtCOI) dan *triosephosphate isomerase*, gen terpaut kromosom Z (Tpi). Penanda gen tersebut digunakan sebagai pendeteksi *strain* UGJ karena kedua gen tersebut dapat memberikan informasi mengenai jenis *strain*, riwayat hidup, dan preferensi inangnya melalui polimorfisme yang ada pada gen target. Selain itu, deteksi *strain* hingga variasi genetik, seperti *haplotype subgroup* dapat diidentifikasi dengan cepat dan cukup akurat hanya dengan sekuen yang pendek (Levy et al. 2002; Nagoshi 2010; Nagoshi et al. 2022).

Deteksi secara molekuler diperlukan karena terdapat dua *strain* UGJ, yaitu *corn strain* (C) dan *rice strain* (R) yang tidak dapat dibedakan secara morfologi, tetapi memiliki preferensi inang tanaman yang berbeda. Polimorfisme dapat dilihat dari *single nucleotide polymorphisms* (SNPs) pada COI dan Tpi (Levy et al. 2002; Nagoshi et al. 2022). Target gen Tpi dalam penelitian ini juga digunakan untuk dapat mendeteksi adanya *interstrain hybridization* pada UGJ (Nagoshi 2010). Selain itu, kecocokan preferensi

host strain menggunakan Tpi lebih tinggi di benua Asia termasuk Indonesia karena banyaknya perkawinan *interstrain* UGJ setelah migrasi yang jauh dari tempat asalnya. Akan tetapi, penggunaan COI juga masih penting terkait dengan asal infestasi UGJ (Nagoshi et al. 2020; Acharya et al. 2021; Fahmi et al. 2023).

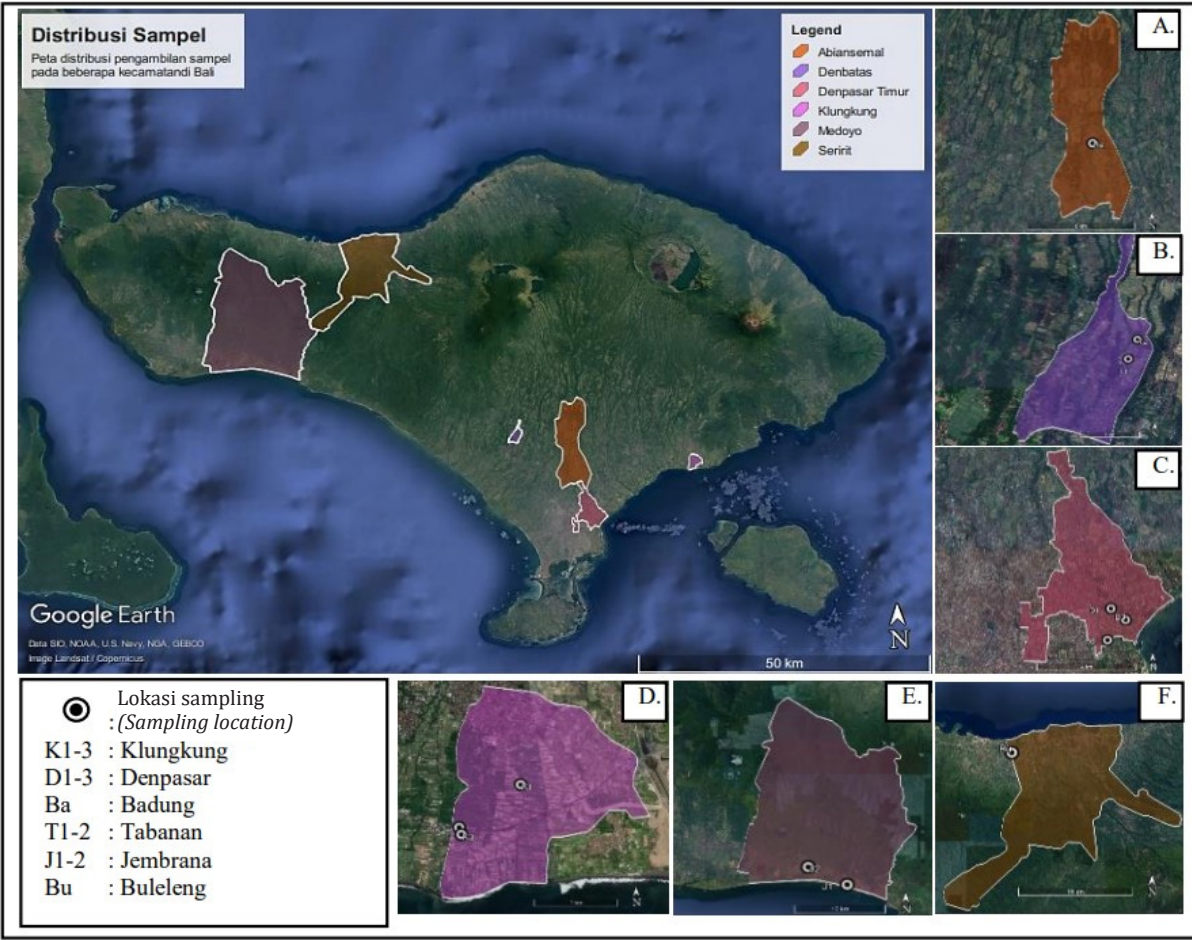
Informasi mengenai kepadatan populasi UGJ juga penting untuk dikaji kembali di Bali. Informasi kepadatan populasi UGJ di Bali merupakan bentuk *monitoring* berkala mengingat sifat hama ini yang invasif, cepat berkembang pada iklim tropis seperti di Indonesia termasuk Bali, dan daya pencarnya yang tinggi (CABI 2019; Kenis et al. 2023). Data kepadatan populasi UGJ di Bali yang diperoleh dalam penelitian ini diharapkan dapat melengkapi data perkembangan populasi UGJ dari publikasi-publikasi sebelumnya di Bali sehingga dapat diidentifikasi kecenderungan kepadatan populasi UGJ di daerah-daerah tertentu di Bali.

Sampai saat ini, penentuan keanekaragaman *strain* UGJ hingga tingkat haplotipe berdasarkan penanda gen COIB dan Tpi di Bali belum dilaporkan. Karakterisasi profil genetik UGJ berdasarkan haplotipe menurut gen COIB juga belum dilaporkan. Sementara, informasi mengenai kepadatan populasi UGJ di Bali juga masih terbatas. Informasi mengenai keanekaragaman *strain* UGJ merupakan salah satu informasi penting yang dapat digunakan sebagai pertimbangan untuk menentukan tindakan pengendalian yang sesuai. Data identifikasi UGJ pada tingkat *strain* dan haplotipe di Bali diperlukan untuk kemudian dapat melengkapi data proporsi haplotipe hingga pemetaan dispersal UGJ di Indonesia. Informasi kepadatan populasi UGJ di Bali juga diperlukan untuk memantau perkembangan populasi UGJ di Bali. Berdasarkan hal tersebut, penelitian ini dilakukan untuk mengetahui keanekaragaman *strain* UGJ di Bali berdasarkan *marker* COI dan Tpi serta kepadatan populasinya di Bali.

BAHAN DAN METODE

Koleksi sampel UGJ

Pengambilan sampel UGJ dilakukan di 12 lokasi yang tersebar di 1 kota dan 5 kabupaten di Bali, yaitu Denpasar, Buleleng, Badung, Klungkung, Jembrana, dan Tabanan (Gambar 1, Tabel 1). Sampel diperoleh secara *purposive sampling* dengan mengambil sampel dari tanaman jagung yang terindikasi terserang UGJ. Larva UGJ yang didapatkan dari lahan dimasukkan ke dalam botol kaca berisi alkohol 70%, kemudian diberi label dengan keterangan lokasi dan waktu pengambilan. Sementara, kegiatan molekuler dilaksanakan di Laboratorium Patologi Serangga dan Laboratorium Terpadu, Departemen Proteksi Tanaman, IPB University. Penelitian dilakukan dari bulan April 2023 hingga Mei 2024.



Gambar 1. Peta distribusi lokasi sampling ulat grayak jagung di Bali. A: Kecamatan Abiansemai; B: Kecamatan Denbata; C: Kecamatan Denpasar Timur; D: Kecamatan Klungkung; E: Kecamatan Medoyo; F: Kecamatan Seririt.

Figure 1. Distribution map of fall armyworm sampling locations in Bali. A: Abiansemai District; B: Denbata District; C: East Denpasar District; D: Klungkung District; E: Medoyo District; F: Seririt District.

Tabel 1. Lokasi sampling *Spodoptera frugiperda* di Bali

Table 1. *Spodoptera frugiperda* sampling location in Bali

Lokasi (Location)		Kode (Code)	Koordinat (Coordinate)	
Kabupaten (Regency)	Kecamatan (District)		Lintang (Latitude)	Bujur (Longitude)
Klungkung	Klungkung 1	K1	8°33'49.8"S	115°24'33.2"E
	Klungkung 2	K2	8°34'08.3"S	115°24'08.8"E
	Klungkung 3	K3	8°34'11.3"S	115°24'09.7"E
Badung	Abiansemai	Ba	8°32'58.9"S	115°13'29.0"E
Denpasar	Denpasar Timur 1	D1	8°39'13.1"S	115°15'07.2"E
	Denpasar Timur 2	D2	8°39'56.5"S	115°15'02.3"E
	Denpasar Timur 3	D3	8°39'28.7"S	115°15'26.3"E
Buleleng	Seririt	Bu	8°12'21.9"S	114°52'35.9"E
Jembrana	Medoyo 1	J1	8°23'57.8"S	114°45'57.7"E
	Medoyo 2	J2	8°22'51.0"S	114°43'36.4"E
Tabanan	Denbata 1	T1	8°30'46.5"S	115°08'30.3"E
	Denbata 2	T2	8°30'33.8"S	115°08'35.9"E

Ekstraksi DNA UGJ

Ekstraksi dilakukan dengan metode ekstraksi *cetyltrimethylammonium bromide* (CTAB) menurut Marín et al. (2021) dengan modifikasi. Modifikasi dilakukan pada kecepatan sentrifugasi sebesar 13.000 rpm pada semua tahapan sentrifugasi. Sampel setelah melalui tahap penyucian dan pengeringan kemudian diresuspensi dengan TE sebanyak 50 µl dan disimpan pada suhu -20 °C. Terdapat total 12 sampel dari perwakilan 12 lokasi yang digunakan dalam ekstraksi DNA.

Amplifikasi DNA, visualisasi, dan sekuensing DNA UGJ

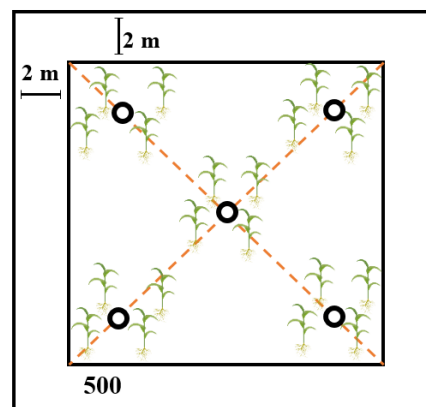
Amplifikasi gen target dilakukan menggunakan dua jenis primer, yaitu COIB dan Tpi yang dirancang berdasarkan penelitian Nagoshi et al. (2017). Amplifikasi COIB yang digunakan primer 891F (5' TAC ACG AGC ATA TTT TAC ATC 3') dan 1472R (5' GCT GGT GGT AAA TTT TGA TAT C 3') untuk mendapatkan panjang fragmen 603 pb. Sementara, amplifikasi Tpi digunakan primer 282F (5' GGT GAA ATC TCC CCT GCT ATG 3') dan 850R (5' AAT TTT ATT ACC TGC TGT GG 3') untuk mendapatkan fragmen ±500 pb. Amplifikasi dilakukan dengan metode PCR menggunakan MyTaq™ HS RedMix dengan *buffer* standar. Tahap pre-denaturasi dilakukan pada suhu 94 °C (1 menit), kemudian dilakukan 33 siklus PCR yang terdiri atas denaturasi pada suhu 92 °C (30 detik), *annealing* pada suhu 56 °C (45 detik), dan *elongasi* pada suhu 72 °C (45 detik), serta ekstensi pada suhu 72 °C selama 3 menit (Nagoshi 2010; Nagoshi et al. 2017). Hasil amplifikasi kemudian divisualisasi dengan UV transilluminator. Hasil PCR kemudian disekuensing oleh pihak penyedia jasa (PT Genetika Science Indonesia) dengan metode Sanger.

Pengamatan kerapatan populasi UGJ

Pengamatan dilakukan pada perwakilan 6 petak contoh yang berada di bagian timur, selatan, barat, dan tengah pulau Bali dengan luas lahan 500 m². Pada masing-masing petak contoh, diamati 20 unit contoh dengan pola "X". Terdapat 5 titik untuk mewakili populasi pada petak contoh, dengan 4 tanaman contoh di masing-masing titik (Gambar 2). Pengamatan dilakukan dengan mencatat instar larva dan jumlahnya pada setiap tanaman sampel. Pengamatan dilakukan pada masa vegetatif tanaman jagung.

Analisis data

Data sekuen gen target dianalisis menggunakan *software* GeneStudio untuk *editing* dan ClustalW di BioEdit untuk pensejajaran hasil sekuen. Untuk rekonstruksi pohon filogeni, digunakan metode UPGMA dan *bootstrap* 1000



Gambar 2. Denah unit tanaman contoh dalam petak pengamatan.

Figure 2. Sample plant unit layout in observation plot.

kali dengan *software* MEGA 11, kemudian dibandingkan dengan *outgroup* sebagai kontrol. *Outgroup* yang digunakan berasal dari ordo yang sama dengan sampel pada penelitian ini (Lepidoptera) berasal dari wilayah yang berbeda (dari *database* GenBank®), yaitu *Ostrinia furnacalis* asal Cina (MN720650); *Ostrinia furnacalis* asal USA (DQ204878); dan *Ostrinia furnacalis* asal Jepang (ON645200). Haplotipe UGJ *strain* jagung berdasarkan COIB terbagi menjadi empat haplotipe subkelompok (C-h1, C-h2, C-h3, dan C-h4) (Nagoshi et al. 2007; Nagoshi et al. 2017) yang kemudian dikelompokkan lagi menjadi tiga, yaitu FAW[TX], FAW[FL], dan FAW[M] (*mix*) berdasarkan perhitungan jenis haplotipe (h4-h2/h4+h2). Jika hasilnya $\leq -0,3$ maka termasuk kelompok FAW[TX], sedangkan hasil perhitungan yang menunjukkan hasil $\geq 0,1$ maka termasuk FAW[FL], dan termasuk profil FAW[M] ketika memiliki nilai indeks perhitungan $0,3 < x < 0,1$. Sementara pada marker gen Tpi, penentuan *strain* berdasarkan polimorfisme gTpi183Y pada exon-4.

HASIL

Karakterisasi *strain* *S. frugiperda* di Bali berdasarkan COI

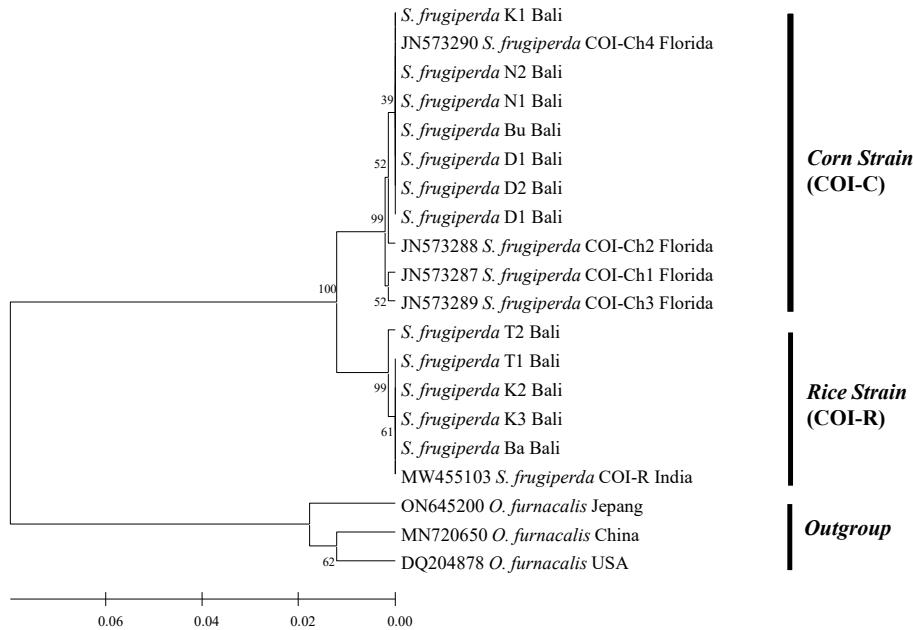
Berdasarkan penanda gen COIB, Konstruksi pohon filogeni sampel UGJ menghasilkan dua *clade*, yaitu *strain* padi (COI-R) dan *strain* jagung (COI-C), dengan *strain* jagung yang mengelompok dengan haplotipe h4 asal Florida dan *strain* padi yang mirip dengan *strain* padi asal India (Gambar 3).

Sampel yang tergolong *strain* padi adalah sampel yang berasal dari Klungkung 2 (K2); Klungkung 3 (K3); Tabanan 1 (T1); Tabanan 2 (T2); dan Badung (Ba), sedangkan *strain* jagung berdasarkan COIB ditemukan pada sampel yang berasal dari Klungkung 1 (K1); Denpasar 1 (D1); Denpasar 2 (D2); Denpasar 3 (D3); Jembrana 1 (J1); Jembrana 2 (J2); dan Buleleng

(Bu). Identifikasi *strain* UGJ dilakukan dengan melihat polimorfisme pada SNPs mtCOI1164 dan mtCOI1287. Situs polimorfisme lainnya, seperti pada mtCOI1125, mtCOI1176, mtCOI1182, mtCOI1197, dan mtCOI1216 juga ditemukan unik pada *strain* padi dan jagung (Tabel 2).

Karakterisasi *strain* *S. frugiperda* di Bali berdasarkan Tpi

Hasil karakterisasi UGJ pada penelitian ini dengan menggunakan penanda gen Tpi menunjukkan bahwa semua sampel pada penelitian ini teridentifikasi sebagai *strain* jagung (Tpi-C). Identifikasi *strain* dengan penanda gen Tpi dilakukan dengan melihat



Gambar 3. Pohon filogeni berdasarkan penanda gen *cytochrome oxydase* I (COIB) dengan metode UPGMA dan *bootstrap* 1000x menunjukkan pengelompokan *Spodoptera frugiperda* menjadi dua kelompok *strain*.

Figure 3. Phylogenetic tree based on the *cytochrome oxidase* I (COIB) gene marker using the UPGMA method and 1000x *bootstrap* to show the grouping of *Spodoptera frugiperda* into two *strain* groups.

Tabel 2. Polimorfisme *strain* spesifik pada ulat grayak jagung di Bali berdasarkan penanda gen COIB

Table 2. *Strain specific polymorphisme in fall armyworm from Bali based on COIB marker*

Kode (Code)	Posisi nukleotida (Nucleotide site)							Asal (Origin)
	1125	1164	1176	1182	1197	1216	1287	
Konsensus COI-C (Consensus COI-C)	T	R*	T	C	G	T	R*	Bumi Barat ¹ (Western hemisphere)
K1	.	G	.	.	.	.	G	Bali, Indonesia
D1	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
D2	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
D3	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
J1	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
J2	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
Bu	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
Konsensus COI-R (Consensus COI-R)	C	T	C	T	A	A	A	Bumi Barat ¹ (Western hemisphere)
K2	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
K3	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
T1	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
T2	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia
Ba	.	.	.	.	.	.	.	Bali, Indonesia

*R= A/G; ¹Nagoshi et al. 2019.

polimorfisme pada gTpi183 yang berada pada exon 4. Terdapat dua haplotipe *strain* jagung yang unik di Afrika berdasarkan Tpi, yaitu Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2 dilihat dari polimorfisme pada basa gTpi192 dan gTpi198 di exon 4 yang juga ditemukan di Bali pada penelitian ini dengan haplotipe Tpi-Ca1 yang lebih dominan (Tabel 3).

Keanekaragaman genetik populasi UGJ di Bali berdasarkan penanda gen COI dan Tpi

Berdasarkan karakterisasi dengan penanda gen COIB dan Tpi, terlihat proporsi strain UGJ yang ada di Bali hanya ditemukan 2 strain dan satu haplotipe berdasarkan COI (COI-R dan COI-Ch4). Selain itu, hanya 1 *strain* dan 2 haplotipe berdasarkan Tpi (Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2) di Indonesia (Gambar 4).

Kepadatan populasi UGJ di Bali

Berdasarkan pengamatan dari 6 petak contoh, didapatkan temuan bahwa kepadatan populasi tertinggi larva UGJ ada di Kabupaten Tabanan dengan rata-rata 6,8 larva/unit contoh. Sementara, kepadatan populasi terbanyak kedua adalah dari petak contoh asal Denpasar,

Jembrana dan Klungkung dengan kisaran 3,6–5,0 larva/unit contoh (Tabel 4). Pada petak tersebut, lebih banyak ditemukan larva instar lanjut berkisar dari instar 3–6 (Gambar 5).

Proporsi tahapan hidup UGJ yang mendominasi pada petak contoh Tabanan adalah Instar 2 (58,8%) dan 3 (20,5–40%) pada umur tanaman 3 MST. Sementara umur tanaman pada petak contoh Jembrana dan Klungkung berkisar 3–5 MST, sehingga UGJ yang ditemukan kebanyakan adalah instar lanjut, yaitu instar 3 (31,5–34%) dan instar 5 (31,5–55%) (Gambar 6).

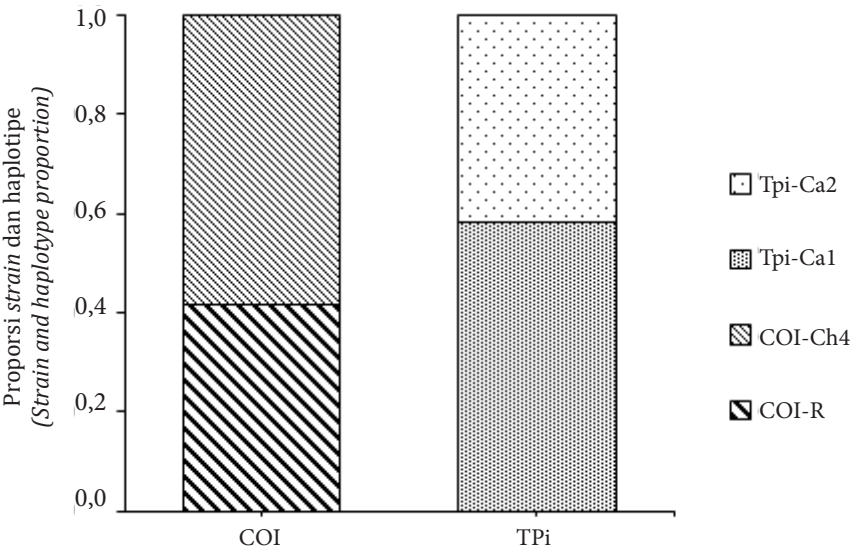
PEMBAHASAN

Berdasarkan karakterisasi genetik menggunakan penanda gen COIB, didapatkan hasil bahwa lima sampel (41,67%) yang didapat adalah *strain* padi (COIB-R) dan tujuh sampel (58,33%) adalah teridentifikasi *strain* jagung (COIB-C) yang 100% tergolong haplotipe h4 asal Florida. Tidak hanya dari polimorfisme pada basa 1164 dan 1287, ditemukan situs polimorfisme lainnya seperti pada posisi basa ke-1125, 1176, 1182, 1197, dan 1216 yang unik pada *strain* padi dan jagung. Temuan

Tabel 3. Polimorfisme haplotipe spesifik *strain* jagung pada ulat grayak jagung di Bali berdasarkan penanda gen Tpi
Table 3. Specific haplotype polymorphism in fall armyworm corn strain from Bali based on the Tpi marker

Kode (Code)	Posisi nukleotida di exon 4 (Nucleotide site in exon 4)								Asal (Origin)
	129	144	165	168	180	183	192	198	
Konsensus Tpi-C (Consensus Tpi-C)	C	G	C	T	C	C	Y*	Y*	Bumi Barat ¹ (Western hemisphere)
OR724711 (Tpi-C)	.	.	.	.	.	.	T	T	Cina ² (China)
Tpi-Ca1	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
K1	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
K3	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
D1	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
D2	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
D3	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
J1	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
T2	.	.	.	.	.	.	C	C	Afrika ³ (Africa)
Tpi-Ca2	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
K2	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
J2	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
T1	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
Bu	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
Ba	.	.	.	.	.	.	.	.	Afrika ³ (Africa)
Konsensus Tpi-R (Consensus Tpi-R)	.	.	T	C	.	T	.	.	Bumi Barat ¹ (Western hemisphere)
Tpi-R	T	A	.	C	.	T	C	C	Afrika ³ (Africa)
MT767446 (Tpi-R)	T	A	.	C	.	T	C	C	Cina ⁴ (China)
Tpi-H (Tpi-Ca1/Tpi-R)	Y*	R*	.	.	.	Y*	C	C	Afrika ³ (Africa)
Tpi-H (Tpi-Ca1/Tpi-R)	Y*	R*	.	.	.	Y*	Y*	Y*	Afrika ³ (Africa)

*Y: C/T; R: A/G; ¹Nagoshi et al. 2010; ²Zhang et al. 2020; ³Nagoshi et al. 2019; ⁴Liang et al. 2024.

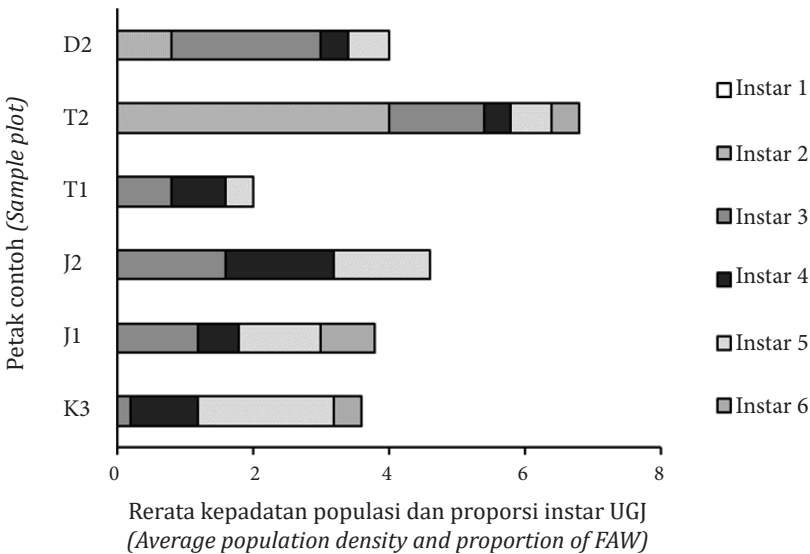


Gambar 4. Proporsi strain dan haplotipe berdasarkan COI dan Tpi di Bali.
Figure 4. Proportion of strains and haplotypes based on COI and Tpi in Bali.

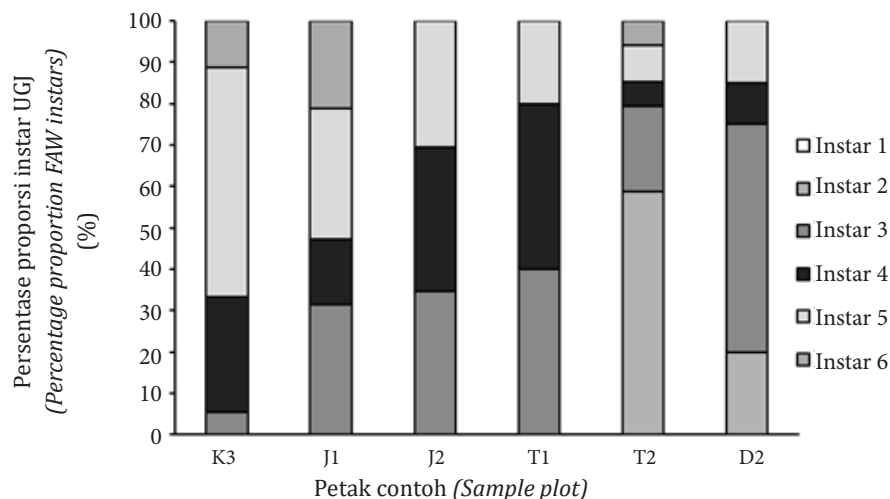
Tabel 4. Kepadatan populasi *Spodoptera frugiperda* di masing-masing petak contoh
Table 4. Population density of *Spodoptera frugiperda* in each sample plot

Petak contoh (Sample plot)	Jenis jagung (Type of corn)	Rerata larva/unit contoh (Average larvae/sample unit)	Umur tanaman (Plant age) (MST*)
K3	Jagung manis (Sweet corn)	3,6	5
J1	Varietas lokal (Local variety)	3,8	5
J2	Varietas lokal (Local variety)	4,6	3
T1	Varietas lokal (Local variety)	2,0	3
T2	Varietas lokal (Local variety)	6,8	3
D2	Jagung manis (Sweet corn)	5,0	3

K3: Klungkung 3; J1: Medoyo 1; J2: Medoyo 2; T1: Denbatas 1; T2: Denbatas 2; D2: Denpasar 2.
*MST: minggu setelah tanam (week after planting).



Gambar 5. Rerata kepadatan populasi serta proporsi instar larva *Spodoptera frugiperda* pada masing-masing petak contoh. D2: Denpasar Timur 2; T1 dan T2: Denbatas 1 dan 2; J1–J2: Medoyo 1 dan 2; K3: Klungkung 3.
Figure 5. Average population density and proportion of *Spodoptera frugiperda* larval instars in each sample plot. D2: East Denpasar; T1–T2: Tabanan; J1–J2: Jembrana; K3: Klungkung.



Gambar 6. Persentase proporsi instar larva *Spodoptera frugiperda* pada masing-masing petak contoh. D2: Denpasar timur; T1–T2: Tabanan; J1–2: Jembrana; K3: Klungkung.

Figure 6. Percentage of *Spodoptera frugiperda* larval instars proportion in each sample plot. D2: East Denpasar; T1–T2: Tabanan; J1–J2: Jembrana; K3: Klungkung.

ini sejalan dengan yang dilaporkan oleh Nagoshi et al. (2019) yang menyatakan bahwa beberapa situs basa tersebut adalah *strain* spesifik pada tiap *strain* UGJ.

Temuan pada penelitian ini tidak sejalan dengan Dharmayanthi et al. (2022) dan Fahmi et al. (2023) yang melaporkan bahwa *strain* padi UGJ (COI-R) adalah *strain* yang mendominasi di beberapa wilayah Indonesia. Meskipun jumlah sampel yang teridentifikasi sebagai *strain* jagung lebih banyak ditemukan di Bali, perbedaannya tidak terlalu signifikan, yaitu sebesar 16,67% sehingga proporsi *strain* padi dan jagung di Bali terbilang relatif sama. Lebih banyaknya *strain* jagung yang ditemukan di Bali diduga karena perkawinan *interstrain* sehingga memunculkan genotipe yang semakin mengarah pada *strain* jagung. Yudha et al. (2024) melaporkan bahwa sampel yang didapat dari Jembrana teridentifikasi *strain* padi menggunakan COI. Hal ini berarti bahwa pada tanaman jagung, terdapat *strain* padi dan jagung sehingga memungkinkan terjadinya perkawinan *interstrain*.

Sampel yang dikumpulkan semuanya berasal dari tanaman jagung. Akan tetapi, hasil dari penelitian ini menunjukkan adanya kedua *strain* (COI-R dan COI-C) berdasarkan COIB meskipun inangnya adalah jagung. Hal ini menunjukkan bahwa adanya hasil tidak konsisten dari karakterisasi *strain* UGJ menggunakan penanda gen COI dengan inang UGJ di Bali. Kejadian yang sama terjadi di Asia, termasuk Indonesia (Dharmayanthi et al. 2022; Fahmi et al. 2023) dan Afrika (Nagoshi et al. 2019). Hal tersebut semakin memperkuat bukti bahwa penggunaan penanda gen COI saja dalam penentuan *strain* UGJ tidaklah akurat di Indonesia termasuk Bali.

Dari tujuh sampel yang teridentifikasi *strain* jagung, semuanya (100%) adalah tergolong haplotipe h4. Haplotipe h4 dengan nilai indeks $\geq 0,1$ berdasarkan

perhitungan $(h4-h2/h4+h2)$ merupakan FAW[FL]. Hal tersebut berarti bahwa UGJ di Bali mirip dengan UGJ yang ada di Florida dengan proporsi h4 yang dominan. Temuan ini sejalan dengan penelitian Nagoshi et al. (2020) yang melaporkan bahwa jenis haplotipe h4 adalah haplotipe yang mendominasi di Asia, seperti Myanmar dan India. Berdasarkan informasi ini, diduga asal infestasi UGJ adalah dari Kepulauan Karibia melalui Florida termasuk US bagian timur, kemudian ke Afrika dan Asia yang akhirnya sampai ke Indonesia (Nagoshi et al. 2017). Akan tetapi, penelitian lebih lanjut dengan metode deteksi lainnya masih diperlukan untuk memastikan asal UGJ di Indonesia.

Berdasarkan gen Tpi, di bagian timur belahan bumi cenderung ditemukan *strain* jagung (Tpi-C) yang mendominasi. Sementara di Indonesia sendiri, hanya ditemukan *strain* Tpi-C (Dharmayanthi et al. 2022; Fahmi et al. 2023) termasuk temuan di penelitian ini juga menunjukkan UGJ di Bali 100% adalah Tpi-C, sedangkan di Myanmar ditemukan satu Tpi-H yang merupakan hasil perkawinan silang antara *strain* Tpi-C dan Tpi-R (Nagoshi et al. 2020). Diperkirakan keberadaan Tpi-R hanya terbatas dominansinya pada belahan bumi barat, kemudian mulai menipis di Afrika dan langka ditemukan keberadaannya di wilayah Asia. Berdasarkan hal tersebut, dugaan bahwa Tpi-R dari belahan bumi barat tidak menginvasi Asia dan tidak ada kecenderungan Tpi-C akan menginfestasi tanaman inang Tpi-R (Zhang et al. 2020; Durand et al. 2024) kembali diperkuat pada penelitian ini. Akan tetapi, deteksi berkala masih dibutuhkan karena keberadaan Tpi-H di Myanmar yang dapat memunculkan Tpi-R.

Haplotipe *strain* jagung yang unik di Afrika juga ditemukan di Bali (Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2). Haplotipe Tpi-Ca1 dilaporkan mulai mendominasi dari Afrika dan

semakin mendominasi di India, Myanmar (Nagoshi et al. 2019), dan Indonesia. Asal introduksi yang sama dan waktu penyebaran relatif berdekatan, cepat dan masif diduga menjadi penyebab hadirnya haplotipe ini. Hal ini berarti bahwa di Indonesia, kecenderungan polimorfisme yang terbentuk pada UGJ berdasarkan Tpi adalah Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2.

Hasil dari penelitian ini menunjukkan karakterisasi *strain* yang tidak konsisten berdasarkan penanda gen COI dan Tpi. Karakterisasi *strain* menggunakan penanda gen tersebut cenderung menghasilkan kombinasi *strain* yang heterogen (COI-R/Tpi-C) dibandingkan homogen (COI-C/Tpi-C). Terjadinya ketidaksesuaian *strain* antara COI dan Tpi (COI-R/Tpi-C) diduga karena hibridisasi acak antar genotipe UGJ yang berbeda. Hal tersebut kemudian menyebabkan UGJ ketika keluar dari belahan bumi barat (asalnya) akan muncul karakter genetik yang berbeda dan penggunaan gen penanda COI akan semakin kurang relevan untuk deteksi *host strain* UGJ (Nagoshi 2010; Zhang et al. 2020).

Pada penelitian ini, terlihat adanya pola perubahan proporsi *strain* dan haplotipe UGJ dari daerah asalnya berdasarkan penanda gen COI dan Tpi. Hanya dengan dua penanda gen saja, sudah terlihat kecenderungan penurunan keanekaragaman *strain* dan haplotipe UGJ dari daerah asalnya, yaitu Amerika hingga di Asia Tenggara termasuk Indonesia. Semakin ke arah belahan bumi timur, seperti Afrika, kemudian India hingga ke Asia Tenggara, seperti di Myanmar dan Indonesia proporsi *strain* dan haplotipe semakin berubah dan cenderung menurun. Perubahan proporsi *strain* dan haplotipe UGJ diduga dapat terjadi karena UGJ yang berasal dari Amerika sudah melalui *bottleneck effect* saat terjadi introduksi hingga proses menetap di habitat baru sehingga menyebabkan adanya perubahan dinamika hibridisasi (Cock et al. 2017).

Kepadatan populasi UGJ di Bali tertinggi terdapat pada petak Tabanan dan disusul pada petak Denpasar, Jembrana, dan Klungkung dengan instar yang mendominasi adalah 3–5 pada tanam 3–5 MST. Temuan ini sesuai dengan Supartha et al. (2021b) yang melaporkan bahwa Tabanan, Klungkung, dan Jembrana adalah lokasi dengan kepadatan populasi UGJ yang tinggi akibat praktik monokultur sehingga penanaman tumpang tindih terjadi dan sumber makanan UGJ senantiasa tersedia. Keberadaan instar 3–6 pada tanaman berumur 3–5 MST di petak contoh sesuai dengan temuan Supartha et al. (2021b) yang melaporkan bahwa instar ke-2, 3, 4, 5, dan 6 masing-masing akan dominan ditemukan pada tanaman jagung berumur 2, 3, 4, 5, dan 6 MST.

Kecenderungan proporsi instar UGJ yang ditemukan sedikit pada petak Klungkung dan Jembrana karena

UGJ yang sudah diperkirakan ada pada awal masa tanam dalam bentuk telur sehingga ketika 3–5 MST maka UGJ sudah berada pada instar lanjut. Selain itu, rendahnya populasi juga diduga berkaitan dengan sifat kanibal UGJ pada instar lanjut. Menurut Chapman et al. (2000) sifat kanibalisme dapat terjadi sebesar 40–60% pada tanaman jagung muda yang diinfestasi dengan 2–4 larva UGJ instar ke-4, dan pola tersebut terlihat pada penelitian ini. Rendahnya proporsi instar diduga pula karena kemampuan memencar UGJ yang mulai meningkat. Kemampuan memencar UGJ mulai aktif terjadi pada instar ke-3. Ketimpangan yang teramati pada petak Tabanan 1 yang tidak sebanyak Tabanan 2 karena praktik petani yang sebelum proses pengamatan melakukan penyemprotan pestisida.

Terlihat kepadatan populasi lebih tinggi pada jagung lokal dari petak contoh Jembrana dan Tabanan, sedangkan kepadatan populasi lebih rendah teramati pada jagung manis berasal dari petak contoh Klungkung. Hal ini sesuai dengan temuan Supartha et al. (2021a) yang melaporkan bahwa kepadatan populasi UGJ yang ditemukan di jagung Bali sedikit lebih tinggi dibandingkan dengan kepadatan populasi yang ditemukan di jagung manis. Sementara proporsi instar UGJ pada tanaman berumur 3–8 MST baik pada jagung bali ataupun jagung manis memiliki kecenderungan yang sama.

Hasil penelitian ini dapat menjadi dasar penting dalam merumuskan strategi pengendalian UGJ yang lebih tepat berdasarkan karakterisasi genetik *strain* dan kepadatan populasinya. Informasi haplotipe dominan memungkinkan pengembangan metode, seperti aplikasi feromon spesifik-*strain* untuk pengendalian yang lebih presisi (Meagher et al. 2019). Selain itu, identifikasi *strain* melalui penanda molekuler terutama pada tingkat haplotipe juga dapat diterapkan lebih lanjut dalam pemantauan resistensi terhadap Bt (Nagoshi et al. 2017). Temuan ini mendukung pengembangan sistem pengendalian hama yang berkelanjutan dan berbasis data molekuler.

KESIMPULAN

Keanekaragaman *strain* UGJ di Bali berdasarkan penanda gen COIB menunjukkan adanya dua *strain* di Bali, yaitu *strain* padi (COI-R) (58,33%) dan *strain* jagung (COI-C) (41,67%) yang 100% adalah haplotipe h4 dengan profil FAW[FL] asal Florida. Sementara berdasarkan penanda gen Tpi, hanya ditemukan *strain* jagung (Tpi-C) dan dua haplotipe, yaitu Tpi-Ca1 dan Tpi-Ca2 dengan Tpi-Ca1 yang mendominasi. Kepadatan populasi UGJ tertinggi ditemukan di petak Tabanan, yaitu 6,8 larva/unit contoh. Larva instar awal (2–3) ditemukan mendominasi pada tanaman umur 3 MST,

sementara instar lanjut (4–6) ditemukan mendominasi pada umur tanaman 5 MST.

DAFTAR PUSTAKA

- Acharya R, Akintola AA, Malekera MJ, Kamulegeya P, Nyakunga KB, Mutumbu MK, Shrestha YK, Hemayet JSM, Hoat TX, Dao HT, et al. 2021. Genetic relationship of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) populations that invaded Africa and Asia. *Insects*. 12:1–15. DOI: <https://doi.org/10.3390/insects12050439>.
- CABI. 2019. *Spodoptera frugiperda* (fall armyworm). CABI Digital Library.
- Chapman JW, Williams T, Martínez AM, Cisneros J, Caballero P, Cave RD, Goulson D. 2000. Does cannibalism in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) reduce the risk of predation? *Behavioral Ecology and Sociobiology*. 48:321–327. DOI: <https://doi.org/10.1007/s002650000237>.
- Cock MJW, Besah PK, Buddie AG, Cafá G, Crozier J. 2017. Molecular methods to detect *Spodoptera frugiperda* in Ghana, and implications for monitoring the spread of invasive species in developing countries. *Scientific Reports*. 7:4103. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-04238-y>.
- Dharmayanthi AB, Subagyo VNO, Nugraha RTP, Rahmini, Rahmadi C, Darmawan, Sutrisno H. 2022. Genetic characteristics and strain types of the invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in Indonesia. *Biodiversitas*. 23:3928–3935. DOI: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230809>.
- Durand K, An H, Nam K. 2024. Invasive fall armyworms are corn strain. *Scientific Reports*. 14:5696. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-56301-0>.
- Fahmi F, Kusumah RYM, Buchori D. 2023. Genetic variation of pest fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in different landscapes in Bogor. *Jurnal Entomologi Indonesia*. 20:1–9. DOI: <https://doi.org/10.5994/10.5994/jei.20.1.1>.
- Herlinda S, Suharjo R, Elbi Sinaga M, Fawwazi F, Suwandi S. 2022. First report of occurrence of corn and rice strains of fall armyworm, *Spodoptera Frugiperda* in South Sumatra, Indonesia and its damage in maize. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*. 21:412–419. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jssas.2021.11.003>.
- Kenis M, Benelli G, Biondi A, Calatayud PA, Day R, Desneux N, Harrison RD, Kriticos D, Rwomushana I, van den Berg J, et al. 2023. Invasiveness, biology, ecology, and management of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda*. *Entomologia Generalis*. 43:187–241. DOI: <https://doi.org/10.1127/entomologia/2022/1659>.
- Lestari P, Budiarti A, Fitriana Y, Susilo F, Subawa IG, Sudarsono H, Suharjo R, Hariri AM, Purnomo, Nuryasin, Solikhin, Wibowo L, Jumari, Hartaman M. 2020. Identification and genetic diversity of *Spodoptera frugiperda* in Lampung Province, Indonesia. *Biodiversitas*. 21:1670–1677. DOI: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d210448>.
- Levy H, Garcia-Maruniak A, Maruniak JE. 2002. Strain identification of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) insects and cell line: PCR-RFLP of cytochrome oxidase C subunit I gene. *Florida Entomologist*. 85:186–189. DOI: [https://doi.org/10.1653/0015-4040\(2002\)085\[0186:SIOFSL\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1653/0015-4040(2002)085[0186:SIOFSL]2.0.CO;2).
- Liang X, Zhang L, Li H, Niu X, Xiao Y. 2024. Genetic variation in the triosephosphate isomerase gene of the fall armyworm and its distribution across China. *Insect Science*. 31:1984–1997. DOI: <https://doi.org/10.1111/1744-7917.13348>.
- Marín DV, Castillo DK, López-Lavalle LAB, Chalarca JR, Pérez CR. 2021. An optimized high-quality DNA isolation protocol for *Spodoptera frugiperda* J. E. smith (Lepidoptera: Noctuidae). *MethodsX*. 8:101255. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.mex.2021.101255>.
- Mukkun L, Kleden YL, Simamora AV. 2021. Detection of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in maize field in East Flores District, East Nusa Tenggara Province, Indonesia. *International Journal of Tropical Drylands*. 5:20–26. DOI: <https://doi.org/10.13057/tropdrylands/t050104>.
- Nagoshi RN. 2010. The fall armyworm triose phosphate isomerase (*Tpi*) gene as a marker of strain identity and interstrain mating. *Annals of the Entomological Society of America*. 103:283–292. DOI: <https://doi.org/10.1603/AN09046>.
- Nagoshi RN, Goergen G, Koffi D, Agboka K, Adjevi AKM, Du Plessis H, Van den Berg J, Tapa-Yotto GT, Winsou JK, Meagher RL, et al. 2022. Genetic studies of fall armyworm indicate a new introduction into Africa and identify limits to its migratory behavior. *Scientific Reports*. 12:1941. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-05781-z>.
- Nagoshi RN, Goergen G, Plessis H Du, van den Berg J, Meagher R. 2019. Genetic comparisons of fall armyworm populations from 11 countries spanning sub-Saharan Africa provide insights into strain composition and migratory behaviors. *Scientific Reports*. 9:8311. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44744-9>.
- Nagoshi RN, Htain NN, Boughton D, Zhang L, Xiao Y, Nagoshi BY, Mota-Sanchez D. 2020. Southeastern Asia fall armyworms are closely related to populations in Africa and India, consistent with common origin and recent migration. *Scientific Reports*. 10:1421. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58249-3>.
- Nagoshi RN, Koffi D, Agboka K, Tounou KA, Banerjee R, Jurat-Fuentes JL, Meagher RL. 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:e0181982. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181982>.
- Nagoshi RN, Silvie P, Meagher RL. 2007. Comparison of haplotype frequencies differentiate fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) corn-strain populations from Florida and Brazil. *Journal of Economic Entomology*. 100:954–961. DOI: [https://doi.org/10.1603/0022-0493\(2007\)100\[954:COHFDF\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0022-0493(2007)100[954:COHFDF]2.0.CO;2).
- Sartiami D, Dadang, Harahap I, Kusumah Y, Anwar R. 2020. First record of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) in Indonesia and its occurrence in three provinces. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*.

- 468:012021. DOI: <https://doi.org/10.1088/1755-1315/468/1/012021>.
- Supartha IW, Sunari AAAAS, Krisna IGPB, Yudha IKW, Mahaputra IGF, Wiradana PA. 2021a. Invasion, population development, and attack intensity of the fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) J.E Smith (Lepidoptera: Noctuidae) on two varieties corn in Serongga Village, Gianyar Regency, Bali-Indonesia. *Technology Reports of Kansai University*. 63:6945–6954.
- Supartha IW, Susila IW, Sunari AAAAS, Mahaputra IGF, Yudha IKW, Wiradana PA. 2021b. Damage characteristics and distribution patterns of invasive pest, *Spodoptera frugiperda* (J.E Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) on maize crop in Bali, Indonesia. *Biodiversitas*. 22:3378–3389. DOI: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220645>.
- Yudha IKW, Supartha IW, Susila IW, Sudiarta P, Wijaya IN, Wiradana PA. 2024. New occurrence of corn and rice strains of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in Bali and Lesser Sunda (Indonesia): Genetic diversity, distribution, and damage. *Biodiversitas*. 25:1890–1900. DOI: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d250505>.
- Zhang L, Liu Bo, Zheng W, Liu C, Zhang D, Zhao S, Li Z, Xu P, Wilson K, Withers A, et al. 2020. Genetic structure and insecticide resistance characteristics of fall armyworm populations invading China. *Molecular Ecology Resources*. 20:1682–1696. DOI: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13219>.