



Pengelompokan dan Struktur Populasi Parasitoid Telur *Trichogrammatoidea armigera* pada Telur *Helicoverpa armigera* pada Jagung Berdasarkan Karakter Molekuler

BAHAGIAWATI¹⁾, DWINITA W UTAMI¹⁾, DAN DAMAYANTI BUCHORI²⁾

¹⁾Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian

²⁾Departemen Hama dan Penyakit Tumbuhan, Insitut Pertanian Bogor

(diterima November 2009, disetujui Februari 2010)

ABSTRACT

One of eco-friendly approach to control *Heliothis armigera* is using egg parasitoid *Trichogrammatoidea armigera*. The effectiveness of this parasitoid was influenced by its population structure in the field. However, because this parasitoid has a tiny size, it was difficult to know the population structure of this parasitoid. This problem can be overcome by using molecular characteristic i.e. molecular markers. Based on RAPD-PCR analysis from 4 selected primers on 19 DNA samples from 3 different locations it was found, that Gunung Bunder II population was divided into sub-population and so did Cugenang population, which is indicated by their small Fst and Nm index. The Fst and Nm index for Gunung Bunder II population was 0,39 and 0,77, while 0,51 and 0,47 for Cugenang population. If we calculated the Fst and Nm for all samples together, we found that this parasitoid has a random mating pattern, which is also shown by the dendrogram. The dendrogram indicate that each sub-population from one location was not grouped in one cluster but distributed in every cluster.

KEY WORDS: *Trichogrammatoidea armigera*, *Helicoverpa armigera*, RAPD-PCR, population structure, genetic variety

PENDAHULUAN

Spesies-spesies dari famili Trichogrammatidae (Hymenoptera) merupakan parasitoid telur yang dikenal menyerang berbagai jenis inang terutama serangga dari ordo Lepidoptera (Alba 1988) yang menjadi hama penting pada berbagai tanaman pertanian misalnya jagung dan kapas (Nurindah & Bindra 1989). *Helicoverpa armigera* merupakan serangga hama penyebab

kerugian hasil yang cukup besar pada berbagai tanaman pangan dan industri, seperti jagung, kentang, tembakau, dan kapas (Cristian 1994).

Pemanfaatan parasitoid telur dalam pengendalian hayati sering menjadi pilihan karena dapat mengendalikan hama pada fase paling awal sehingga kerusakan tanaman dapat dicegah sedini mungkin. Beberapa penelitian menyebutkan bahwa keefektifan parasitoid sebagai agen pengendali hama di

lapang sangat dipengaruhi oleh struktur populasi yang terbentuk. Terbentuknya struktur populasi ini sangat dipengaruhi oleh beberapa faktor, antara lain perilaku parasitoid itu sendiri (Vaughn & Antolin 1998); kondisi agroekosistem dan faktor abiotik yang berpengaruh pada distribusi parasitoid (Roderick 1996).

Dalam kaidah yang umum, istilah populasi seringkali dikaitkan dengan sekelompok individu yang berasal dari satu spesies yang mendiami habitat tertentu dimana perkawinan antar individu terjadi secara acak, sehingga populasi menjadi relatif berkesinambungan. Populasi yang terbentuk dengan mekanisme tersebut, dikenal dengan istilah populasi tradisional (*panmictic population*). Namun demikian, beberapa fakta memperlihatkan bahwa di alam, perkawinan antar individu di dalam populasi tidak terjadi secara acak, sehingga populasi dapat terbagi menjadi beberapa kelompok yang disebut sub-sub populasi (McCullough 1996). Populasi yang terdiri atas sub-sub populasi dikenal dengan istilah metapopulasi. Metapopulasi ini mempunyai ukuran populasi yang berbeda-beda dan hilangnya populasi lokal merupakan hal yang sering terjadi karena ukuran populasi yang terlalu kecil. Perkawinan yang terjadi secara tidak acak seperti diuraikan di atas dapat dibuktikan dengan ditemukannya suatu fenomena ketidaksesuaian reproduksi (*reproductive incompatibi-*

lity), dimana genotipe-genotipe yang berasal dari satu spesies tidak dapat melakukan kopulasi sehingga tidak menghasilkan keturunan (Sorati *et al.* 1996). Sub-sub populasi yang tidak mampu berkopulasi antara satu dengan yang lainnya dikhawatirkan dapat mengakibatkan runtuhnya suatu populasi dengan fenomena metapopulasi di dalamnya. Hal ini disebabkan oleh ukuran populasi lokal yang terlalu kecil sehingga memiliki resiko yang lebih besar untuk punah (McCullough 1996).

Analisis struktur populasi parasitoid *Trichogrammatoidea armigera* dapat dilakukan berdasarkan karakteristik molekulernya. Di antara berbagai metode analisis DNA, RAPD-PCR merupakan salah satu teknik analisis DNA yang cepat dalam memberikan hasil (Kambhampati *et al.* 1992), mudah dalam pelaksanaannya, dan akurat dalam mendeteksi keragaman berdasarkan pada aplikasi daerah-daerah yang bervariasi pada suatu genom dengan menggunakan beberapa *primer* acak serta tidak memerlukan pengetahuan sekuen DNA (Williams *et al.* 1990). Tujuan penelitian adalah untuk mempelajari pengelompokan dan struktur populasi parasitoid *T. Armigera* dari beberapa tipe agroekosistem tanaman jagung yang berbeda berdasarkan markah molekuler RAPD-PCR. Hasil penelitian ini dapat dipakai untuk dasar pengendalian

hama *H. armigera* dengan penggunaan parasit telur *armigera*.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilakukan di Laboratorium Bioekologi Parasitoid dan Predator Departemen Hama dan Penyakit Tumbuhan IPB dan Laboratorium Biologi Molekuler Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Bogor pada bulan Mei 2004 - Mei 2005.

Sampling Parasitoid Telur *T. armigera* pada Hama Jagung *H. armigera*

Sampling dilakukan pada beberapa daerah yang mewakili sentra produksi jagung di Bogor dan Cianjur. Umur tanaman jagung yang tepat untuk sampling adalah 60-70 hari setelah tanam (HST), yaitu pada saat keluarannya rambut pada tongkol jagung dan rambut belum kering. Selanjutnya sampling parasitoid dilakukan dengan cara mengumpulkan telur hama jagung *H. armigera* ada sepanjang larikan tanaman jagung yang disebut transek. Pada satu petak sampling diperlukan 5 transek dengan jarak antar transek adalah 10 larikan tanaman jagung. Telur-telur tersebut selanjutnya disimpan dalam tabung reaksi dan diberi label.

Telur hama jagung yang diperoleh dari lapangan dibiarkan menetas (5-8 hari setelah sampling) dan selanjutnya keluar parasitoid telurnya. Jika terdapat parasitoid jantan dan betina yang

berasal dari hasil tetasan satu telur inang ditunggu sampai parasitoid tersebut melakukan kopulasi. Pada tahapan berikutnya, masing-masing parasitoid betina dipelihara secara individual dalam sebuah tabung dan setiap tabung disebut satu populasi atau satu *female line*.

Parasitoid telur dipelihara di laboratorium menggunakan telur inang pengganti, yaitu *Corcyra cephalonica* yang merupakan hama gudang. Telur inang ini ditempelkan pada kertas karton yang disebut pias menggunakan *gum arabic*. Setelah itu pias disimpan dalam *freezer* selama 2 jam. Selanjutnya pias dimasukkan ke dalam tiap tabung agar dapat diparasit dan sebagai pakan bagi parasitoid dewasa, ke dalam tabung tersebut dioleskan madu 10%. Pengamatan pias dilakukan setiap hari dan kira-kira 7-9 hari pias akan menetas.

Isolasi DNA Genom Total *T. armigera*

DNA genom total *T'oidea armigera* diisolasi berdasarkan metode Bahagiawati *et al.* (2005) yang dimodifikasi. Sebanyak 50-100 ekor parasitoid dari masing-masing populasi (*female line*) dimasukkan kedalam tabung eppendorf. Masing-masing sampel di gerus dalam tabung yang ditambahkan sebanyak 400 µl buffer ekstraksi TEN 1X (Tris-HCl 10 mM pH 8, EDTA 2 mM pH 8, dan NaCl 0.4 M). Setelah diperoleh hasil gerusan yang halus dan homogen, ditambahkan sebanyak 40 µl

SDS 20% dan 8 µl Proteinase K 20 mg/ml sambil diaduk-aduk. Selanjutnya tabung diinkubasi selama 1 jam pada suhu 55⁰C. Dan tambahkan 300 µl NaCl 5 M. DNA dipisahkan dengan komponen kontaminannya seperti debris sel dengan cara teknik sentrifugasi selama 15 menit pada 12000 rpm. Pindahkan supernatan yang mengandung DNA (kira-kira 700 µl) ke dalam tabung eppendorf yang baru.

DNA dipresipitasi dengan menambahkan 1X volume isopropanol dingin (v/v) yaitu 700 µl dan diinkubasi pada suhu -20⁰C selama semalam. Kemudian tabung disentrifugasi pada kecepatan 12000 rpm selama 15 menit untuk mendapatkan pelet DNA. Pelet DNA yang diperoleh dicuci 2 kali dengan ETOH 70% (v/v) dan dikeringanginkan. Pada tahapan terakhir pelet DNA diresuspensi dengan 30 µl buffer TE 1X dan disimpan di *freezer* untuk digunakan selanjutnya.

Amplifikasi DNA dengan Teknik RAPD-PCR

Analisis PCR dilakukan dengan mengamplifikasi DNA sampel menggunakan 4 *primer* RAPD, yaitu RUT1 (5'-ccctggacgtctacaat-3'), RUT2 (5'-ggtgcgggaa-3'), IDT45 (5'-tggcgcagtg-3') dan IDT48 (5'-acgccagagg-3'). Reaksi PCR dilakukan dalam volume total 22 µl, yang terdiri dari 18 µl PCR supermix (dari Invitrogen), 2 µl *primer* (5 pmol/µl), dan 2 µl DNA sampel. Proses amplifikasi dilakukan dalam

mesin PCR MJ Research PCT-100 dengan tahapan *predenaturate* pada suhu 94⁰C selama 2 menit, dilanjutkan dengan 45 siklus tahapan *denaturate* pada suhu 94⁰C selama 45 detik, *annealing* 36⁰C selama 1 menit, dan *elongation* pada suhu 72⁰C selama 2 menit. Proses amplifikasi diakhiri dengan tahapan *final elongation* pada suhu 72⁰C selama 8 menit.

Separasi dan Visualisasi Hasil PCR

Hasil PCR diseparasi dengan teknik elektroforesis menggunakan gel agarose 1.2% di dalam buffer TBE 0.5X. Sebanyak 8 µl produk PCR ditambah dengan 2 µl *loading dye* (pewarna dan pemberat DNA) dengan komposisi *loading dye* : produk PCR = 1 : 4, dimasukkan ke dalam *well* pada gel, dengan mengikutkan 100 bp DNA ladder (8 µl DNA ladder 100ng/µl dan 2 µl *loading dye*) sebagai penanda untuk memudahkan penentuan pola pita DNA hasil PCR dari masing-masing sampel berdasarkan ukuran basanya. Selanjutnya gel direndam dalam larutan ethidium bromida selama 10 menit dan dibilas di air selama 30 menit sambil digoyang. Setelah itu fragmen DNA divisualisasi dan didokumentasi dengan meletakkan gel di bawah sinar UV dengan bantuan alat Chemidoc.

Skoring dan Analisis Pola Pita DNA

Tiap pita yang muncul pada gel diskor secara visual. Pita yang muncul pada ukuran yang sama diberi skor 1

dan jika tidak muncul diberi skor 0. Setiap pita DNA yang muncul dan mempunyai ukuran berbeda dengan pita yang lain disebut sebagai satu lokus dan dalam satu lokus terdapat alel. Hasil skoring kemudian dianalisis dengan program komputer untuk mengetahui nilai-nilai PIC, Fst, dan Nm. Nilai PIC (Polymorphic Information Contents) bertujuan untuk mengetahui tingkat polimorfisme yang dihasilkan oleh masing-masing *primer*. Dengan mengetahui nilai ini maka dapat diketahui *primer* mana yang dapat terus digunakan dalam penelitian-penelitian selanjutnya yang sejenis. Nilai Fst (*fixation index*) menunjukkan ada tidaknya aliran genetik pada populasi atau mengindikasikan terjadinya perkawinan dengan populasi asing. Nilai ini juga diperoleh dengan *software* komputer. Nilai Nm (*migration rate*) menunjukkan nilai laju migrasi genetik atau ada tidaknya pengaruh aliran genetik terhadap populasi. Nilai h^2 Nei, Fst, dan Nm tersebut dihitung menggunakan program komputer POP-GENE ver 1.32.

Disamping itu, data yang diperoleh juga ditampilkan dalam bentuk dendrogram berdasarkan metode UPGMA dengan menggunakan program komputer NTSys versi 2.1. Kemudian tingkat kepercayaan pohon filogenetik yang diperoleh dianalisa menggunakan Bootstrap titrasi 1000x dengan program komputer Freetree dan Treeview 32 sehingga dapat diketahui seberapa

jauh perbedaan genetik *female line* satu dengan yang lain.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Sampling Parasitoid Telur *T. armigera* pada Hama Jagung *H. armigera*

Berdasarkan hasil sampling telur hama jagung terparasit yang dilakukan di beberapa lokasi sentra jagung di Bogor dan Cianjur, hanya diperoleh parasitoid telur dengan jumlah *female line* yang berbeda-beda diantara lima lokasi sampling (Tabel 1). Dari lima lokasi sampling, *female line* yang dapat dianalisis lebih lanjut hanya didapatkan dari telur hama terparasit yang berasal dari tiga lokasi sampling, yaitu lokasi Gunung Bunder II, (Pondok Rimbun, Bogor), lokasi Cugenang (Cianjur), dan lokasi Gunung Bunder I (Ciampea, Bogor).

Pada lokasi Pondok Rimbun Gunung Bunder, Bogor diperoleh 39 telur hama yang terparasit, dan akhirnya diperoleh sebanyak 30 *female lines*, dimana keturunan dari 11 *female line* diekstrak dan lebihnya dipelihara untuk digunakan pada penelitian lainnya. Pada lokasi Cugenang, Cianjur hanya didapatkan keturunan dari 6 *female lines* yang diekstraksi DNA-nya dan selebihnya dipelihara untuk keperluan penelitian lainnya. Pada lokasi Gunung Bunder, Ciampea hanya didapatkan 2 *female line*.

Tabel 1. Data parasitoid telur *T'oida armigera* pada penelitian ini

| Lokasi | Σ pohon | Σ tongkol | Σ telur | Σ telur terparasit | Σ total Female Lines | Σ Female Line di ekstrak | Σ Female Line hidup |
|------------------|----------------|------------------|----------------|---------------------------|-----------------------------|---------------------------------|----------------------------|
| Gunung Bunder II | 481 | 375 | 64 | 39 | 30 | 11 | 9 |
| Cigenang | 220 | 197 | 41 | 32 | 25 | 6 | 6 |
| Gunung Bunder I | 189 | 318 | 86 | 64 | 21 | 2 | 1 |

Analisis Struktur Populasi Parasitoid Telur *T. armigera* Berdasarkan Karakter Molekuler

Analisis molekuler struktur populasi parasitoid dari ketiga lokasi sampling dilakukan terhadap 19 sampel DNA *female lines T. armigera* dengan 4 primer dapat dilihat pada Tabel 2. Amplifikasi DNA dengan keempat primer RAPD dapat mendeteksi sebanyak 58 lokus pada 19 parasitoid telur *T. armigera* yang diuji. Nilai dalam tabel ini diperoleh dari hasil perhitungan PIC. Berdasarkan nilai PIC-nya, primer 2 (5'-gggtgc gggaa-3') merupakan primer yang paling banyak mendeteksi lokus dan paling tinggi tingkat polimorfisnya yaitu 39,63% dalam menentukan perbedaan genetik diantara individu-individu yang diuji.

Perbedaan genetik di antara individu-individu parasitoid yang diuji dapat dilihat berdasarkan tingkat polimorfisme pada beberapa lokus RAPD yang dihasilkan. Hasil penelitian menunjukkan bahwa 4 primer RAPD yang digunakan dapat menunjukkan perbedaan genetik individu-individu parasitoid. Gambar 1 mem-

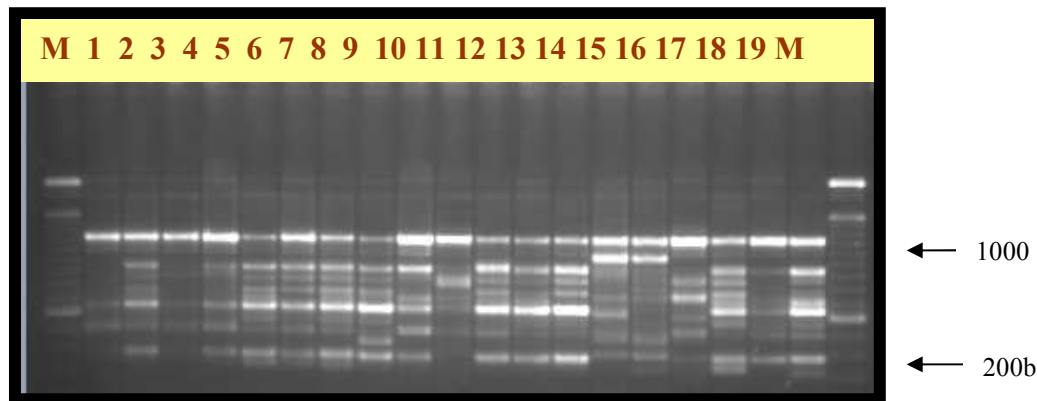
perlihatkan poliformis dari pita DNA di antara 19 sampel dengan memakai primer yang paling besar nilai PIC-nya.

Pada Gambar 2 dapat dilihat jarak genetik 19 sampel parasitoid telur yang diperoleh dari hasil analisis matrik jarak genetik menggunakan program NTSYS-pc versi 2.1. Nilai jarak genetik ke-19 sampel parasitoid tersebut bervariasi, yaitu berkisar antara 0,04 – 0,48. Jarak genetik terendah (0,04) adalah antara parasitoid telur C2111 (Cugenang) dengan B5111 (Gunung Bunder II) dan jarak genetik (0,48) tertinggi adalah antara C3211 (Cugenang) dan B1111 (Gunung Bunder I). Meskipun sudah diketahui jarak genetik terdekat dan terjauh, data ini belum dapat menjelaskan perbedaan lokasi asal pengambilan sampel dengan tipe pertanaman dan letak geografi yang berbeda sehingga dapat memberikan pengaruh yang besar terhadap komposisi genetik parasitoid ini. Baik pada individu C2111 (Cugenang)

Tabel 2. Jumlah lokus yang dihasilkan pada 19 parasitoid telur *T'oida armigera* berdasarkan 4 primer RAPD-PCR

| Primer | Sekuen | Σ lokus/pita | Σ pita polimorfik | Σ pita monomorfik | Nilai PIC |
|--------|-------------------------|--------------|-------------------|-------------------|-----------|
| RUT 1 | 5'-ccctggacgtctacaat-3' | 16 | 14 | 2 | 24,67% |
| RUT 2 | 5'-ggtgcgggaa-3' | 17 | 14 | 3 | 39,63% |
| IDT 45 | 5'-tggcgcagtg-3' | 13 | 10 | 3 | 27,13% |
| IDT 48 | 5'-acgccagagg-3' | 12 | 10 | 2 | 11,84% |
| Jumlah | | 58 | 48 | 10 | 26,95% |

PIC = *Polymorphic information contents* (informasi tingkat polimorfisme)



Gambar 1. Hasil amplifikasi DNA produk PCR menggunakan primer RUT2

- M = marker 100 bp DNA ladder, 1 – 19 = sampel
- 1 – 11 = sampel-sampel yang berasal dari GB II (Pondok rimbun)
- 12 – 17 = sampel-sampel yang berasal dari Cugenang
- 18 & 19 = sampel yang berasal dari GB I (ciampea)

dengan B5111 (Gunung Bunder II) yang memiliki jarak genetik terendah maupun C3211 (Cugenang) dan B1111 (Gunung Bunder I) yang memiliki jarak genetik tertinggi, kedua pasangan tersebut sama-sama berasal dari dua lokasi yang sama, yaitu antara Gunung Bunder II dan Cugenang. Hal ini mungkin disebabkan oleh jumlah *primer* yang digunakan yang belum cukup banyak untuk mengidentifikasi sebagian besar lokus genetik pada parasitoid. Disamping itu, bisa pula

disebabkan oleh jumlah sampel yang mewakili setiap lokasi pengambilan sampel masih terlalu sedikit.

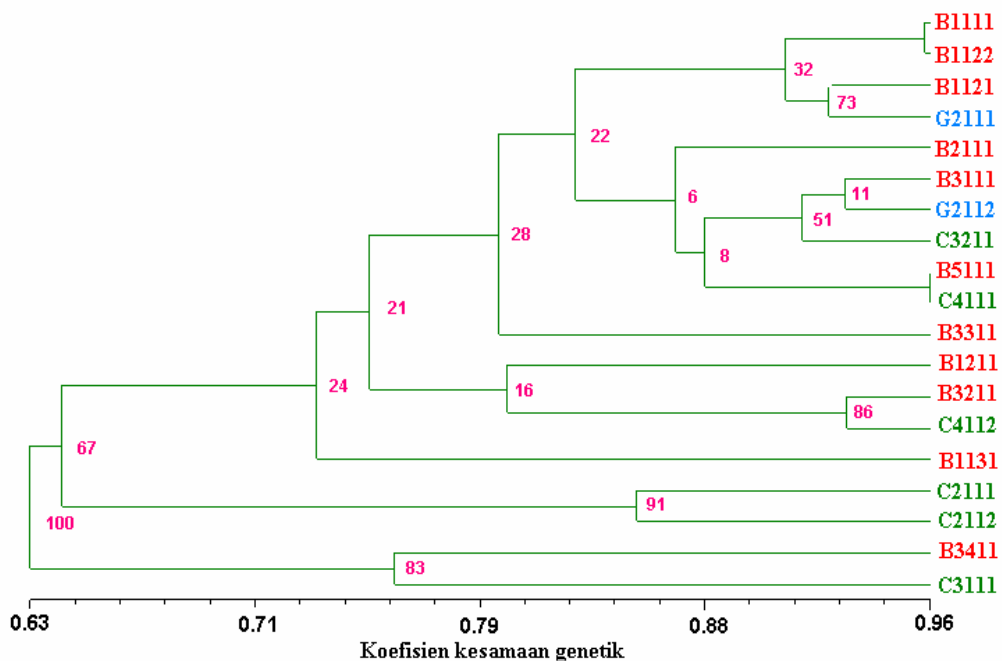
Pada dendrogram (Gambar 2) dapat dilihat bahwa pada tingkat similaritas 63%, parasitoid *T. armigera* terbagi dalam dua kelompok utama, yaitu kelompok 1 (terdiri dari C3111/ Cugenang dan B3411/Gunung Bunder II) dan kelompok 2 merupakan 17 parasitoid selain pada kelompok 1. Berdasarkan hasil analisis bootstrapping dengan 1000 x pengulangan, kedua

kelompok ini mempunyai nilai *confident* 100%. Hal ini menunjukkan bahwa pembagian parasitoid ini menjadi dua kelompok utama sudah menunjukkan kelompok yang stabil. Menurut Felsenstein (1985), klaster-klaster yang memiliki nilai bootstrap 95% atau lebih dapat dikatakan sebagai klaster yang benar-benar stabil.

Apabila dilihat dari individu-individu parasitoid di dalam kelompoknya, ternyata sampel parasitoid telur yang berasal dari 3 lokasi bercampur dalam semua klaster. Jadi, masing-masing lokasi tidak dapat

dikatakan sebagai satu sub-populasi melainkan dari 3 lokasi membentuk suatu populasi yang besar. Sedangkan dalam lokasi dapat membentuk sub-sub populasi karena sampel terpisah ke dalam klaster-klaster.

Kekurangan dari polimorfisme secara RAPD dalam populasi genetik adalah bahwa ia hanya dapat mengidentifikasi alel dominan, dan tidak dapat mengidentifikasi alel menghasilkan fragmen dari alel-alel baik homosigot dan heterosigot tetapi tidak ada fragmen yang dihasilkan dari alel homosigot resesif (Williams *et al.* 1990).



Keterangan: Nilai bootstrap ditunjukkan oleh angka-angka yang berwarna merah pada percabangan. *Female line* yang berwarna sama berasal dari lokasi yang sama

Gambar 2. Dendrogram kemiripan genetik 19 sampel parasitoid *T'oidea armigera* berdasarkan 4 primer acak

Selanjutnya, dengan bantuan software pada program komputer POPGENE nilai keragaman genetik yang disebut h^2 Nei, indeks fiksasi (F_{st}) dan laju migrasi (N_m) dapat dihitung. Ketiga nilai ini dapat digunakan untuk menduga struktur populasi apakah terbagi atas sub-populasi atau tidak. F_{st} menunjukkan adanya variasi dalam frekuensi alel diantara populasi lokal, berkisar antara 0,99 mengindikasikan adanya aliran genetik, dan diduga terjadi perkawinan dengan populasi asing (luar); dan 1, berarti tidak ada perkawinan dengan populasi asing sehingga tidak terjadi aliran genetik.

Akan tetapi, nilai F_{st} memiliki banyak interpretasi misalnya menunjukkan nilai besar kecilnya hambatan untuk melakukan fiksasi genetik. Semakin ke nilai 0 maka tidak ada hambatan melakukan fiksasi genetik sehingga aliran gennya berkesinambungan, sedang nilai 1 berarti hambatan untuk melakukan fiksasi semakin tinggi, sehingga kemungkinan terjadinya aliran gen kecil (Wright 1951). Nilai F_{st} ini dapat digunakan untuk menghitung nilai laju migrasinya (N_m), dimana nilai F_{st} berbanding terbalik dengan nilai N_m . Nilai F_{st} tinggi maka nilai N_m -nya rendah begitu juga sebaliknya. Jika $N_m \geq 1$ maka terjadi aliran gen yang cukup untuk meniadakan efek hanyutnya gen dan jika $N_m \geq 4$ maka populasi lokal merupakan bagian dari satu populasi *panmictic* yaitu populasi tradisional

dimana perkawinan terjadi secara acak dan berkesinambungan (Wright 1931). Jika nilai N_m rendah, maka migrasi genetik yang terjadi juga rendah sehingga menyebabkan terbentuknya sub-sub populasi.

Pada Tabel 3 dapat dilihat hasil F_{st} dan N_m dalam menduga variasi genetik parasitoid telur *T'oides armigera* yang menjadi dasar dalam analisis struktur populasi parasitoid *T'oides armigera*. Pada analisis berikutnya, berdasarkan lokus dominan yang muncul dapat ditentukan nilai H -nya. Hasil penghitungan menunjukkan alel heterosigot dominan yang diperoleh lebih kecil dari 0,5, dengan kata lain kurang dari setengahnya (kurang dari 50%), yaitu dengan variasi yang berkisar antara 7,7% - 28,75%. Hal ini menunjukkan bahwa sampel-sampel ini sangat riskan karena memiliki tingkat homozigositas yang tinggi. Untuk mengurangi homozigositas maka perlu diintroduksi populasi-populasi asing sehingga terjadi percampuran yang dapat meningkatkan aliran gen sehingga banyak gen-gen baru yang akan dimiliki oleh populasi-populasi ini. Berdasarkan hasil penghitungan terhadap nilai F_{st} , pada Tabel 3 menunjukkan nilai di atas 0,5, hal ini mengindikasikan bahwa *female lines* merupakan sub-sub populasi karena nilai N_m -nya (*migration rate*) rendah. Kejadian ini menunjukkan bahwa tidak terjadi migrasi genetik dengan populasi asing.

Tabel 3. Index Fiksasi (Fst) dan laju efektif migrasi (Nm) *T'oida armigera*

| Parameter | Sampel | Fst | Nm |
|----------------------|-------------------------|--------|--------|
| Sampel dari 3 lokasi | Gng Bunder II | 0,3949 | 0,7663 |
| | Cugenang | 0,5153 | 0,4703 |
| | Gng Bunder I | 0 | ~ |
| | GB II + Cugenang + GB I | 0,1921 | 2,1031 |

Fenomena ini dapat terjadi karena parasitoid begitu keluar dari telur inangnya akan langsung kawin dengan jantan yang telah keluar terlebih dahulu dari telur inang yang sama sehingga tidak ada peluang bagi parasitoid tersebut untuk melakukan perkawinan dengan parasitoid lain yang berasal dari populasi asing dan populasi menjadi sub-sub populasi.

Tetapi pada populasi-populasi yang berasal dari setiap lokasi menunjukkan nilai Fst lokasi GB II (0,3949) dan Cugenang (0,5153) yang lebih tinggi dari nilai Fst gabungan semua sampel. Karena nilai Fst GB II (polikultur) kurang dari 0,5 maka populasi-populasi yang berasal dari GB II merupakan populasi yang kawin acak, sedangkan nilai Fst Cugenang (monokultur) lebih dari 0,5 maka populasi-populasi yang berasal dari Cugenang merupakan sub-populasi walaupun secara gabungan adalah populasi yang kawin acak.

Populasi parasitoid yang diperoleh dari ketiga lokasi sampling menunjukkan bahwa struktur populasi yang terjadi di lapang adalah struktur popu-

lasi parasitoid merupakan suatu populasi yang kawin acak (populasi tradisional). Hal ini dibuktikan dengan nilai Fst dan Nm yang diperoleh dan dilihat melalui dendrogram. Tetapi dalam populasi yang kawin acak itu, terjadi juga suatu metapopulasi, yaitu terdapat beberapa populasi yang membentuk sub-sub populasi yang merupakan bagian dari populasi yang kawin acak tersebut.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian tentang struktur populasi parasitoid *T. armigera* di beberapa tipe pertanaman jagung tampak bahwa *T. Armigera* terdiri dari beberapa subpopulasi. Gunung Bunder II dengan tipe pertanaman jagung polikultur merupakan suatu populasi yang kawin acak dan Cugenang dengan tipe pertanaman jagung monokultur merupakan suatu subpopulasi. Berdasarkan penggabungan seluruh sampel dari ketiga lokasi sampling diperoleh suatu populasi yang kawin acak (tradisional) dengan nilai Fst 0,1921 dan laju

migrasi genetik antar populasi yang cukup tinggi bagi serangga mikro yaitu $N_m = 2,1031$. Demikian juga dengan dendrogram kemiripan genetik berdasarkan pola pita DNA parasitoid dengan empat *primer* RAPD menunjukkan bahwa semua sampel yang berasal dari tiga lokasi menyebar dalam semua klaster.

Saran

Untuk mengetahui struktur populasi parasitoid telur yang benar-benar bisa menggambarkan kondisi parasitoid di lapang perlu dilakukan percobaan yang dikonsentrasikan pada satu lahan sehingga sampel lebih terjaga dan dapat mewakili keadaan yang sebenarnya. Disamping itu penambahan jumlah penanda molekuler dalam menganalisis lokus-lokus genetik sangat penting sehingga klaster yang terbentuk lebih akurat.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada salah seorang mahasiswa S2 IPB sdri Diani Novianti yang telah mengerjakan sebahagian penelitian ini untuk kepentingan tesisnya. Disamping itu, penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Ibu Adha sari yang telah membantu menyiapkan perbanyakan parasitoid pada telur *Corcyra* di laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Alba MC. 1988. Trichogrammatids in the Philippines. *J Philippines Entomol* 7(3):253-271
- Bahagiawati A, H, Rijzaani, Buchori D, Nurindah, dan Sahari B. 2005. Keragaman genetik populasi *Trichogrammatoidea armigera* berdasarkan RAPD-PCR. Laporan Bogor: RUT X.
- Cristian P. 1994. Recombinant Baculovirus Insecticides: catalyst for change of heart?. Di dalam: *Biopesticides Opportunities for Australian Industry. Symposium on Biopesticides*, Brisbane; Australia, 9-10 Jun 1991. p 40-50.
- Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.
- Kambhampati S, Black IV WC, Rai KS. 1992. Random amplified polymorphic DNA of mosquito species and population (Diptera: Culicidae): techniques, statistical analysis and applications. *J Med Entomol*. 29(6):939-945.
- McCullough, DR (ed). 1996. *Metapopulations and wildlife conservation*. Washington DC: Island press.
- Nurindah & Bindra OS. 1989. Studies on *Trichogramma* spp. (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in the control of *Heliothis armigera* (Hubner) (Lepidoptera: Noctuidae). h. 165-172. *Dalam Symposium on Biological Control of Pests in Tropical Agricultural Ecosystems*. Bogor, Indonesia, June 1-3, 1988. BIO-TROP Spec. Publ. No.36. 349 h.

- Roderick GK. 1996. Geographic structure on insect population: gene flow, phylogeography, and their uses. *Ann. Rev. Entomol.* 41:325-352.
- Sorati M, Newman M & Hoffman AA. 1996. Inbreeding and incompatibility in *Trichogramma nr. Brassicae*: evidence and implications for quality ontrol. *Entomol Experimen et Appl.* 78: 289-290.
- Vaughn TT, Antolin MF. 1998. Population genetics of an opportunistic parasitoid in an agricultural landscape. *J Heredity.* 80: 152-162.
- Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV. 1990. DNA polymorphisms amplified by Arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Res* 18:6531-6535.
- Wright S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16: 97-159.
- Wright S. 1951. The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15:323-354.
-