

BAB I PENDAHULUAN UMUM

1.1 Latar Belakang

Jagung (*Zea mays* L.) sebagai salah satu tanaman pangan memiliki fungsi dan peran dalam kehidupan manusia maupun ternak serta sumber karbohidrat selain gandum dan padi. Menurut Organisasi Pangan dan Pertanian *Food and Agriculture Organization/FAO* produksi jagung Indonesia tahun 2017 sebesar 28,9 juta ton, tahun 2018 meningkat menjadi 30 juta ton dan tahun 2019 sampai 2020 mengalami penurunan menjadi 22,5 juta ton. Produksi jagung di Nusa Tenggara Timur (NTT) 3 tahun mulai 2019 – 2021 adalah 884.326 ton; 745.753 ton, dan 750.166 ton. Data tersebut menunjukkan adanya penurunan produksi jagung sejak 2020 sampai 2021. Salah satu penyebab menurunnya produksi adalah akibat serangan *Spodoptera frugiperda* J. E. Smith (Lepidoptera: Noctuidae) yang merusak 10.563 ha dari 213.899 ha pertanaman jagung yang ada di NTT (Dinas Pertanian Propinsi NTT, 2021). Kabupaten yang menjadi sasaran serangan adalah Kabupaten Kupang, Timor Tengah Utara (TTU), Timor Tengah Selatan (TTS), Belu, Sabu Raijua, Ende, Ngada, Nagekeo, Sikka, Flores Timur, Lembata, Manggarai Barat, Manggarai Timur, Sumba Barat Daya, Sumba Tengah, dan Sumba Timur (Dinas Pertanian Propinsi NTT, 2021).

S. frugiperda atau dikenal dengan *Fall Army Worm* (FAW) merupakan native invasif dari Amerika dan ditemukan di beberapa negara seperti Afrika tahun 2016 di Benin, Nigeria, Sao Tomé and Príncipe and Togo dan 44 negara Afrika; India dan Thailand tahun 2018; dan masuk ke Asia khususnya Cina, Thailand dan Indonesia pada tahun 2019 (Omoto et al., 2016; Goergen et al. 2016; Abrahams et al., 2017; Bhusal & Chapagain, 2020). Kehilangan hasil akibat *S. frugiperda* berkisar antara 15-73% (Nonci et al., 2019). Penelitian lain juga melaporkan bahwa kehilangan hasil akibat *S. frugiperda* di Ghana tahun 2016 sebesar 45%, Zambia sebesar 40% (Abrahams et al., 2017) serta Kenya tahun 2017 dan 2018 sebesar masing-masing 34% dan 32% (De Groote et al., 2020). Sedangkan kerugian berkisar 8,3 sampai 20,6 juta ton per tahun, dengan nilai kerugian ekonomi antara US \$ 2,5-6,2 miliar per tahun (CABI, 2017). Di Indonesia, penyebaran *S. frugiperda* mulai dari Pulau Sumatera, Pulau Jawa (Firmansyah; & R. Arif Malik Ramadhan, 2021; Lubis et al., 2020; Yani Maharani et al., 2019; Sartiami et al., 2020; Trisyono et al., 2019; Zarkani

et al., 2020), Sulawesi Tengah dengan intensitas serangan sebesar 65,24%, dan Bali tahun 2021 (Listyawati et al., 2022).

Larva *S. frugiperda* memakan jaringan daun dari satu sisi sehingga yang tersisa hanya jaringan epidermis pada sisi lain. Larva instar kedua dan ketiga makan dari bagian tepi ke bagian dalam daun menyebabkan perforasi pada daun. Oleh karena larva memiliki sifat kanibalisme, maka yang ditemukan pada daun yang terserang adalah satu hingga dua ekor saja. Larva instar akhir menyebabkan defoliasi ekstensif, dimana kepadatan populasi 0,2-0,8 larva per tanaman mengurangi hasil sebesar 5-20%. Larva juga akan menggali ke dalam titik tumbuh hingga ke telinga daun dan biji jagung. Imago memiliki daya jelajah yang tinggi sejauh 1.700 km (Nagoshi et al., 2007), bersifat nokturnal (da Silva et al., 2017a; Hruska, 2019) dan polifag dengan 350 spesies tanaman termasuk tanaman pangan dan agroindustry seperti jagung, sorgum, millet, tebu, dan sayuran (Montezano et al., 2018). Hama ini memiliki 2 strain, yaitu Strain “C” (jagung) dan strain “R” (padi) yang secara morfologis identik tetapi berbeda dalam kisaran inang, perilaku kawin, genetika, dan komponen feromon (De Groote et al., 2020; Dumas et al., 2015); dan tidak berdiapause sepanjang tahun dan selama musim dingin (Abrahams et al., 2017; Wan et al., 2021; Zhang et al., 2021).

S. frugiperda memiliki banyak musuh alami berperan sebagai agen pengendali hayati. Penelitian Jing et al., 2020; Shylesha et al., 2018; Tambo et al., 2020 melaporkan bahwa musuh alami *S. frugiperda* antara lain parasitoid telur *Telenomus* sp. dan *Trichogramma* sp.; parasitoid larva gregarius *Glyptapanteles creatonoti* (Viereck), parasitoid larva soliter *Campoletis chlorideae* Uchida, dan parasitoid larva dan pupa dari ordo Hymenoptera: Ichneumonidae: Ichneumoninae.. Sedangkan Firake & Behere, (2020) mendapatkan 26 jenis spesies musuh alami lokal di daerah timur laut India, dimana 10 spesies sama dengan yang ditemukan di daerah lain sedangkan 16 spesies adalah spesies baru yang belum dilaporkan di tempat lain. Di India musuh alami yang ditemukan yaitu *Trichogramma chilonis* sebagai musuh alami utama, *Telenomus remus*, *Chelonus* sp., *Cotesia* sp., dan *Exorista* (Navik et al., 2021). Sedangkan di Honduras di berbagai lokasi ketinggian berbeda ditemukan *Aleiodes laphygmae* (Viereck), *Campoletis sonorensis* (Cameron), dan entomopatogen *Nomuraea rileyi* (Farlow) Samson (K. A. G. Wyckhuys & O'Neil, 2006). Hasil penelitian Sisay et al., (2018) melaporkan bahwa lima spesies parasitoid mampu memarasit 50% hama *S. frugiperda* di Jimma Ethiopia serta tujuh spesies

parasitoid dan tiga spesies entomopatogen menyerang di Coahuila Meksiko dengan keberagaman dan penyebaran yang bervariasi antar habitat. Status *S. frugiperda* sebagai hama invasif di Indonesia, masih sangat terbatas informasi musuh alami di lapang. Penelitian menemukan 7 genera parasitoid yang berasosiasi dengan *S. frugiperda* di Bogor yakni *Apaanteles*, *Charops*, *Euplectrus*, *Microplitis*, *Telenomus*, *Trichogramma*, dan 2 jenis predator yakni kumbang tanah dan serangga pembunuh. Jenis musuh alami berbeda di setiap lokasi dipengaruhi oleh berbagai faktor antara lain lokasi geografis, praktik pertanian, dan penggunaan insektisida serta kompleksitasnya bervariasi diantar lokalitas (Harrison et al., 2019).

Upaya pengendalian *S. frugiperda* telah dilaporkan baik di daerah asal maupun daerah invasi. Pengendalian menggunakan insektisida telah dilaporkan di beberapa negara seperti Florida USA pada jagung fase vegetatif dan generatif, tetapi kurang efektif karena perilaku makan dari larva instar kedua dan ketiga yang menetap di bagian dalam daun pada kondisi yang terlindungi. Disamping itu, penggunaan pestisida di Cina menyebabkan input biaya tinggi (Yang et al., 2021). *S. frugiperda* telah dilaporkan resisten terhadap insektisida seperti spynosin dan diamyde serta jagung transgenik Cry1F dan Cry1Ab Bt di Brazil dan Amerika Serikat (Navik et al., 2021).

Berbagai penelitian *S. frugiperda* dilakukan di berbagai Negara dan wilayah di Indonesia, akan tetapi penyebaran sebagai hama invasif di Nusa Tenggara Timur (NTT) belum dilaporkan yang kemungkinan dengan perbedaan kondisi geografis, praktik pertanian serta penggunaan insektisida di lapang akan memunculkan strain berbeda dengan wilayah lain di Indonesia serta keberadaan musuh alaminya. Midega et al., (2018) menyatakan bahwa penyebaran dan kerusakan *S. frugiperda* juga dipengaruhi oleh musim, wilayah geografis, kultivar yang ditanam dan praktik budidaya. Untuk itu, kami merasa penelitian ini sangat penting dilakukan karena (1) jagung merupakan komoditas utama di NTT, (2) kehadiran hama pendatang baru *S. frugiperda* telah menyebabkan kerusakan berat pada tanaman jagung, dan (3) belum dilaporkan jenis strain *S. frugiperda* yang menyerang serta keberadaan musuh alaminya pada pertanaman jagung di NTT. Penelitian ini akan memberikan kontribusi bagi petani dan pengambil keputusan dalam kegiatan pengendalian *S. frugiperda* serta mengembangkan musuh alami lokal pada tanaman jagung di NTT.

1.2 Rumusan Masalah

Adapun rumusan masalah penelitian adalah sebagai berikut:

1. Bagaimanakah karakteristik genetik, tipe strain dan kerusakan *S. frugiperda* pada ekosistem tanaman jagung di NTT?
2. Bagaimanakah preferensi dan biologi *S. frugiperda* pada beberapa varietas jagung dan padi?
3. Bagaimanakah keanekaragaman jenis musuh alami *S. frugiperda* ekosistem tanaman jagung di NTT?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Menganalisis karakteristik, tipe strain dan kerusakan *S. frugiperda* pada ekosistem tanaman jagung di NTT.
2. Menganalisis preferensi dan biologi *S. frugiperda* pada beberapa varietas jagung dan padi.
3. Menganalisis keanekaragaman jenis musuh alami *S. frugiperda* ekosistem tanaman jagung di NTT.

1.4 Kegunaan Penelitian

Adapun kegunaan dari penelitian ini adalah:

1. Sebagai sumber informasi awal tentang spesies *S. frugiperda* pada sistem budidaya jagung di NTT
2. Sebagai acuan dalam pengambilan keputusan tindakan pengendalian terhadap hama *S. frugiperda* bagi semua pihak yang berkepentingan

1.5 Ruang Lingkup Penelitian

Penelitian ini dilakukan dalam beberapa tahap kegiatan sebagai berikut:

1. Tahap Pertama, pengambilan sampel *S. frugiperda* di beberapa lokasi penelitian kemudian dilakukan identifikasi secara molekuler di Laboratorium patologi serangga IPB untuk mengetahui karakteristik genetik *S. frugiperda* yang ditemukan di NTT serta analisis kerusakan akibat serangan *S. frugiperda* pada pertanaman jagung di lapangan

2. Tahap Kedua, uji preferensi *S. frugiperda* pada beberapa varietas tanaman jagung dan padi yang paling dominan ditemukan di lapangan pada penelitian tahap pertama dilanjutkan uji biologi *S. frugiperda* pada varietas jagung dan padi
3. Tahap Ketiga, pengambilan sampel musuh alami yang ditemukan pada pertanaman jagung di lapangan kemudian diidentifikasi berdasarkan literatur-literatur dan dihitung indeks kenakragaman spesie, indeks kemerataan spesies, dan indeks dominansi spesies pada lahan pertanaman jagung yang menggunakan pestisida dan tidak menggunakan pestisida.

1.6 Kebaharuan Penelitian (Novelty)

Kebaharuan dari penelitian ini adalah informasi jenis strain, kerusakan, preferensi, biologi dan musuh alami *S. frugiperda* pada ekosistem tanaman jagung di NTT.

1.7 Daftar Pustaka

- Abrahams, A. P., Bateman, M., Beale, T., Clotey, V., Cock, M., Colmenarez, Y., Corniani, N., Day, R., Early, R., Godwin, J., Gomez, J., Moreno, P. G., Murphy, S. T., Oppong-mensah, B., Phiri, N., Pratt, C., Richards, G., Silvestri, S., & Witt, A. (2017). Fall Armyworm : Impacts and Implications for Africa. *Outlooks on Pest Management*, 5(28), 196–201.
- CABI. (2017). Fall armyworm: Impacts and Implications for Africa, Evidence Note (Summary Version), September 2017. In *Outlooks on Pest Management*. https://doi.org/DOI: 10.1564/v28_oct_02da
- Silva, D. M., Bueno, A. de F., Andrade, K., Stecca, C. dos S., Neves, P. M. O. J., & de Oliveira, M. C. N. (2017). Biology and nutrition of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) fed on different food sources. *Scientia Agricola*, 74(1), 18–31. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2015-0160>
- De Groote, H., Kimenju, S. C., Munyua, B., Palmas, S., Kassie, M., & Bruce, A. (2020). Spread and impact of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) in maize production areas of Kenya. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 292(July 2019), 106804. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2019.106804>
- Dumas, P., Legeai, F., Lemaitre, C., Scaon, E., Orsucci, M., Labadie, K., Gimenez, S., Clamens, A. L., Henri, H., Vavre, F., Aury, J. M., Fournier, P., Kergoat, G. J., & d'Alençon, E. (2015). *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) host-plant variants: two host strains or two distinct species? *Genetica*, 143(3), 305–316. <https://doi.org/10.1007/s10709-015-9829-2>
- Firake, D. M., & Behere, G. T. (2020). Natural mortality of invasive fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in maize agroecosystems of northeast India. *Biological Control*, 148(May), 104303. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2020.104303>
- Firmansyah, E., & R. Arif Malik Ramadhan. (2021). Tingkat serangan *Spodoptera frugiperda* J.E. Smith pada pertanaman jagung di Kota Tasikmalaya dan

- perkembangannya di laboratorium. *Agrovigor: Jurnal Agroekoteknologi*, 14(2), 87–90. <https://doi.org/10.21107/agrovivor.v14i2.9517>
- Harrison, R. D., Thierfelder, C., Baudron, F., Chinwada, P., Midega, C., Schaffner, U., & van den Berg, J. (2019). Agro-ecological options for fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* JE Smith) management: Providing low-cost, smallholder friendly solutions to an invasive pest. *Journal of Environmental Management*, 243(March), 318–330. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2019.05.011>
- Hruska, A. J. (2019). Fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) management by smallholders. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources*, 14, 043. <https://doi.org/10.1079/PAVSNNR201914043>
- Jing, D. P., Guo, J. F., Jiang, Y. Y., Zhao, J. Z., Sethi, A., He, K. L., & Wang, Z. Y. (2020). Initial detections and spread of invasive *Spodoptera frugiperda* in China and comparisons with other noctuid larvae in cornfields using molecular techniques. *Insect Science*, 27(4), 780–790. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12700>
- Listyawati, P. S., Wijaya, I. N., Widaningsih, D., & Supartha, I. W. (2022). Distribusi dan Kemampuan Adaptasi *Spodoptera frugiperda* (J. E Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) Terhadap Tanaman Inang pada Beberapa Ketinggian Tempat di Bali. *Agrotrop: Journal on Agriculture Science*, 12(1), 110. <https://doi.org/10.24843/ajoas.2022.v12.i01.p10>
- Lubis, A. A. N., Anwar, R., Soekarno, B. P., Istiaji, B., Sartiami, D., Irmansyah, & Herawati, D. (2020). Serangan Ulat Grayak Jagung (*Spodoptera frugiperda*) pada Tanaman Jagung di Desa Petir , Kecamatan Daramaga , Kabupatem Bogor dan Potensi Pengendaliannya Menggunakan Metarizhium Rileyi. *Jurnal Pusat Inovasi Masyarakat*, 2(6), 931–939.
- Maharani, Y., Dewi, V. K., Puspasari, L. T., Rizkie, L., Hidayat, Y., & Dono, D. (2019). Cases of Fall Army Worm *Spodoptera frugiperda* J . E . Smith (Lepidoptera : Noctuidae) Attack on Maize in Bandung , Garut and Sumedang District ., *Cropsaver*, 2(1), 38–46. <https://doi.org/doi:https://doi.org/10.24198/cropsaver.v2i1.23013>
- Midega, C. A. O., Pittchar, J. O., Pickett, J. A., Hailu, G. W., & Khan, Z. R. (2018). A climate-adapted push-pull system effectively controls fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (J E Smith), in maize in East Africa. *Crop Protection*, 105(November 2017), 10–15. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2017.11.003>
- Montezano, D. G., Specht, A., Sosa-Gómez, D. R., Roque-Specht, V. F., Sousa-Silva, J. C., Paula-Moraes, S. V., Peterson, J. A., & Hunt, T. E. (2018). Host Plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas. *African Entomology*, 26(2), 286–300. <https://doi.org/10.4001/003.026.0286>
- Nagoshi, R. N., Silvie, P., Meagher, R. L., & Lopez, J. (n.d.). Identification and Comparison of Fall Armyworm (Lepidoptera : Noctuidae) Host Strains in Brazil , Texas , and Florida. *Annals of The Entomological Society of America*, 100(3), 394–402.
- Navik, O., Shylesha, A. N., Patil, J., Venkatesan, T., Lalitha, Y., & Ashika, T. R. (2021). Damage, distribution and natural enemies of invasive fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J. E. smith) under rainfed maize in Karnataka, India. *Crop Protection*, 143 (January), 105536. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105536>
- Nonci, N., Kalgutny, Hary, S., Mirsam, H., Muis, A., Azrai, M., & Aqil, M. (2019). Pengenalan Fall Armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) Hama Baru

- Pada Tanaman Jagung Di Indonesia. In *Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian Balai Penelitian Tanaman Serealia* (Vol. 73).
- Omoto, C., Bernardi, O., Salmeron, E., Sorgatto, R. J., Dourado, P. M., Crivellari, A., Carvalho, R. A., Willse, A., Martinelli, S., & Head, G. P. (2016). Field-evolved resistance to Cry1Ab maize by *Spodoptera frugiperda* in Brazil. *Pest Management Science*, 72(9), 1727–1736. <https://doi.org/10.1002/ps.4201>
- Sartiami, D., Dadang, Harahap, I. S., Kusumah, Y. M., & 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(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/468/1/012021>
- Shylesha, A. N., Jalali, S. K., Gupta, A., Varshney, R., Venkatesan, T., Shetty, P., Ojha, R., Ganiger, P. C., Navik, O., Subaharan, K., Bakthavatsalam, N., Ballal, C. R., & A., R. (2018). Studies on new invasive pest *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) and its natural enemies. *Journal of Biological Control*, 32(3), 145–151. <https://doi.org/10.18311/jbc/2018/21707>
- Sisay, B., Simiyu, J., Malusi, P., Likhayo, P., Mendesil, E., Elibariki, N., Wakgari, M., Ayalew, G., & Tefera, T. (2018). First report of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae), natural enemies from Africa. *Journal of Applied Entomology*, 142(8), 800–804. <https://doi.org/10.1111/jen.12534>
- Tambo, J. A., Day, R. K., Lamontagne-Godwin, J., Silvestri, S., Besheh, P. K., Oppong-Mensah, B., Phiri, N. A., & Matimelo, M. (2020). Tackling fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) outbreak in Africa: an analysis of farmers' control actions. *International Journal of Pest Management*, 66(4), 298–310. <https://doi.org/10.1080/09670874.2019.1646942>
- Trisyono, Y., Suputa, S., Aryuwandari, V., Hartaman, M., & Jumari, J. (2019). Occurrence of heavy infestation by the fall armyworm *Spodoptera frugiperda*, a new alien invasive pest, in corn Lampung Indonesia. *Perlindungan Tanaman Indonesia*, 23, 156–160.
- Wan, J., Huang, C., Li, C. You., Zhou, H. Xu., Ren, Y. Lin., Li, Z. Yuan., Xing, L. Sheng., Zhang, B., Qiao, X., Liu, B., Liu, C. Hui., Xi, Y., Liu, W. Xue., Wang, W. Kai., Qian, W. Qiang., Mckirdy, S., & Wan, F. Hao. (2021). Biology, invasion and management of the agricultural invader: Fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Integrative Agriculture*, 20(3), 646–663. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63367-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63367-6)
- Wyckhuys, K. A. G., & O'Neil, R. J. (2006). Population dynamics of *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera: Noctuidae) and associated arthropod natural enemies in Honduran subsistence maize. *Crop Protection*, 25(11), 1180–1190. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2006.03.003>
- Yang, X., Wyckhuys, K. A. G. ., Jia, X., Nie, F., & Wu, K. (2021). Fall armyworm invasion heightens pesticide expenditure among Chinese smallholder farmers. *Journal of Environmental Management*, 282(January), 111949. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.111949>
- Zarkani, A., Ginting, S., Wibowo, R. H., & Sipriyadi. (2020). New Invasive Pest, *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) Attacking Corn In Bengkulu, Indonesia. *Serangga*, 25(1), 105–117.
- Zhang, D. Dan, Zhao, S. Yuan, Wu, Q. Lin, Li, Y. Yan, & Wu, K. Ming. (2021). Cold hardiness of the invasive fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* in China. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(3), 764–771. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63288-9](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63288-9)

BAB II. KARAKTERISASI GENETIK DAN TIPE STRAIN SERTA KERUSAKAN *SPODOPTERA FRUGIPERDA* PADA TANAMAN JAGUNG DI NTT

2.1 Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi genetika *S. frugiperda* dari NTT dengan menggunakan menggunakan penanda molekuler berdasarkan gen COI dan Tpi serta kerusakannya. Sampel dikumpulkan dari 3 pulau yakni Timor, Flores, dan Sumba. Amplifikasi gen penanda dilakukan dengan menggunakan 3 primer spesifik untuk mengidentifikasi strain yang diperoleh dari sampel. Selanjutnya, produk *polymerase chain reaction (PCR)* diurutkan dan sekuens *DNA* dianalisis menggunakan program BioEdit dan BLAST. Persentase tanaman terserang dianalisis dengan membagi total tanaman terserang dengan jumlah tanaman yang diamati dan dikalikan 100%. Sedangkan intensitas serangan dihitung menggunakan rumus $\Sigma (ni \times vi)/(NxV) \times 100\%$. Hasil *PCR* menunjukkan produk ampikon berukuran 811 bp untuk penanda *COIA*. Berdasarkan analisis pohon filogeni dengan menggunakan penanda *COI*, *S. frugiperda* dari NTT menunjukkan 2 strain, yaitu strain jagung dan padi. Hasil karakterisasi menunjukkan bahwa *S. frugiperda* dari NTT terdiri dari 63,6% strain jagung dan 36,4% strain padi. *COIB* mengklasifikasikan *S. frugiperda* dari NTT ke dalam subkelompok haplotipe h4, sedangkan penanda gen *Tpi* berada pada strain jagung. Kerusakan tanaman jagung akibat *S. frugiperda* di NTT sebesar 100% dan intensitas kerusakan berkisar 22.11% sampai 83.52% tergolong serangan sedang hingga sangat berat.

Kata Kunci: COI, Tpi, Haplotipe, Filogeni, PCR

2.2 Pendahuluan

Ulat grayak *S. frugiperda* berasal dari benua Amerika, kemudian masuk ke Afrika Tengah dan Barat tahun 2016 (Nagoshi et al., 2017), di India dan Thailand tahun 2018, serta Indonesia tahun 2019 di Sumatera Barat dan Nusa Tenggara Timur di Kabupaten Flores Timur tahun 2020 (Goergen et al., 2016; Mukkun et al., 2021; Sartiami et al., 2020; SUN et al., 2021).

Hama ini memakan jaringan daun tanaman dan menyerang titik tumbuh yang mengakibatkan kegagalan dalam pembentukan pucuk atau daun muda pada seluruh stadia tanaman (Shylesha et al., 2018; Trisyono et al., 2019), memiliki kemampuan terbang hingga 100 km per hari, siklus hidup pendek, daya adaptasi tinggi, fekunditas tinggi, tidak berdiapause (Wan et al., 2021), serta memiliki kisaran inang sebanyak 353 spesies tumbuhan dari 76 Famili (Montezano et al., 2018). Kerusakan akibat serangan hama *S. frugiperda* menyebabkan kehilangan hasil antara 15-73% dengan nilai kerugian 8,3 hingga 20,6 juta ton per tahun dan US \$ 2,5-6,2 miliar per tahun

(Abrahams et al., 2017; Assefa, 2019). Wu et al., (2021), juga melaporkan bahwa penyebaran *S. frugiperda* berdampak pada potensi ekonomi daerah produsen pertanian di Tiongkok berdasarkan dengan Total biaya potensial (TPCp) dari empat provinsi termasuk Yunnan (830,51 M\$), Guangxi (346,09 M\$), Sichuan (116,87 M\$), dan Shandong (116,43 M\$) lebih dari 100 M\$. Sedangkan, di Indonesia dilaporkan bahwa serangan *S. frugiperda* menyebabkan kerusakan tanaman jagung di Lampung berkisar antara 26,50% hingga 70% (Puji; Lestari et al., 2020), di Bali berkisar 47,84% (Supartha et al., 2021); di Nusa Tenggara Timur (NTT) berkisar 85% hingga 100%, dan Kabupaten Ende berkisar 34% hingga 76% (Pu'u & Mutiara, 2021).

Menurut Wan et al. (2021), 2 strain *S. frugiperda* (Strain R dan C) menyerang berbagai negara dan benua. Secara spesifik, strain R menyerang padi dan rumput-rumputan, sedangkan strain C menyerang jagung, kapas, dan sorgum. Kedua strain ini adalah secara morfologi identik tetapi berbeda dalam kisaran inang, perilaku kawin, genetik, dan komponen feromon (De Groote et al., 2020; Dumas et al., 2015). *S. frugiperda* juga memiliki keragaman genetik dan biotipe yang berbeda secara fisiologis. Ini keragaman genetik ini dipengaruhi oleh strain melalui faktor penyebaran geografis (Monnerat et al., 2006). Dua strain ulat grayak musim gugur (FAW) adalah diidentifikasi terutama berdasarkan polimorfisme pada gen mitokondria sitokrom oksidase subunit 1 (COI) dan gen nuklir triosfosfat isomerase (Tpi) (Levy et al., 2002; Nagoshi., 2010). COI mitokondria adalah penanda barcode DNA untuk mengidentifikasi spesies Lepidoptera dengan akurat. Selain itu, Tpi telah digunakan untuk mengidentifikasi strain inang FAW (Nagoshi et al., 2012; Jing et al., 2020;). Hasil identifikasi molekuler telah menunjukkan bahwa terdapat strain C dan R di Afrika, strain R di India, strain C di Republik Demokratik Kongo, dan strain C di Cina (Swamy et al., 2018; Assefa, 2019; Zhou et al., 2021; Malekera et al., 2023). Di Indonesia, berbagai jenis *S. frugiperda* tersebar di beberapa provinsi, termasuk padi, jagung, dan kombinasinya keduanya yang dapat ditemukan di Banten (Sartiami et al., 2020), Lampung (Lestari et al., 2020), Sumatera (Nelly et al., 2021).

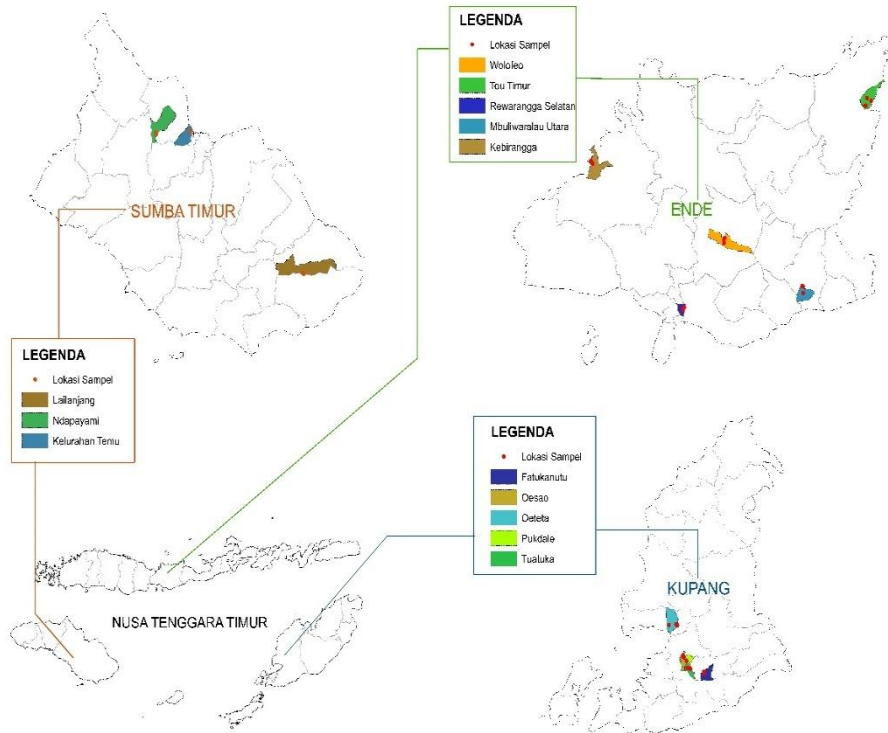
NTT merupakan daerah sentra produksi jagung yang digunakan sebagai makanan pokok dan pakan ternak. Namun demikian serangan *S. frugiperda* pada tanaman jagung mencapai 10.563 ha pada bulan Februari 2020, di mana sekitar 213.899,62 ha tanaman terancam di beberapa kabupaten. Fenomena ini menimbulkan risiko yang signifikan terhadap wilayah NTT yang terdiri dari pulau-

pulau besar dan besar dan pulau-pulau kecil dan diketahui dapat mempengaruhi penurunan produksi jagung hingga 859.230 ton. Sebelumnya telah menemukan bahwa pergerakan perahu antar antarpulau merupakan jalur masuknya *S. frugiperda* dari satu wilayah ke wilayah lain (Sands & Bakker, 1993). Akibatnya, hama jagung dan padi yang ditularkan ini bila menyebar di NTT dapat menyebabkan kerusakan pada tanaman inang penting lainnya. Untuk mengatasi potensi penyebarannya, pengetahuan tentang jenis-jenis strain dan keragaman genetik serta kerusakan hama ini sangat penting sangat penting untuk mengembangkan strategi pemantauan dan pemantauan dan strategi pengelolaan yang berkelanjutan (Swamy et al., 2018). Akan tetapi, tidak ada informasi mengenai keragaman genetik genetik atau strain *S. frugiperda* serta kerusakannya di NTT, sehingga perlu dilakukan eksplorasi lebih lanjut. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi genetik *S. frugiperda* dari NTT dengan menggunakan menggunakan penanda molekuler berdasarkan gen COI dan Tpi serta kerusakannya. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi acuan untuk pengambilan keputusan dalam metode pengendalian hama perkebunan jagung di NTT dalam pola yang terintegrasi mendukung program pertanian berkelanjutan.

2.3 Metode

2.3.1 Lokasi Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan di Kotabaru, Maukaro, Detusoko, Wolowaru, Ende Timur, Rindi, Temu, Ndapayami, Fatukanutu, Pukdale, Tuatuka di Provinsi NTT, Indonesia (Gambar 2.1). Sedangkan untuk identifikasi molekuler dilakukan di Laboratorium Patologi Serangga Institut Pertanian Bogor (IPB). Penelitian dilakukan sejak Bulan Maret sampai Juli tahun 2023.



Gambar 2.1 Peta Lokasi Pengambilan Sampel *S. frugiperda* di NTT

2.3.2 Alat dan Bahan

Alat yang digunakan adalah adalah GPS, meteran, kayu patok, handcounter, plastik gula, botol plastik, jaring serangga, alat tulis, kamera, pinset, mikroskop stereo (Olympus SZ-5T), timbangan digital (SF-400), mesin sentrifugal (Sorvall Biofuge fresco), hot plate (Ika), mikro pipet (Thermo Fisher Scientific, USA), tip, tube/ependorf, Nanodrop (Maestro Gen), PCR (Polymerase chain reaction) (Takara Bio, Jepang), dan mesin elektroforesis (Mupid-One, Jepang), kabinet laminar air flow (Argatama), masker, gloves, microwave (Sharp), perangkat lunak untuk analisis biologi molekuler. Bahan yang digunakan ialah sampel larva *S. frugiperda* dari lokasi penelitian, kertas label, CTAB (Cetyl trimethylammonium bromide), alkohol 70%, Primer COI, Primer Tpi, ladder 1Kb dan 1000bp Geneaid.

2.3.3 Tahapan Penelitian

2.3.3.1 Pengumpulan Larva *S. frugiperda*

Larva *S. frugiperda* dikumpulkan secara acak di perkebunan jagung dari Kotabaru, Maukaro, Detusoko, Wolowaru, Ende Timur, Rindi, Temu, Ndapayami, Fatukanutu, Pukdale, Tuatuka di Provinsi NTT, Indonesia. Larva yang terdiri dari stadia instar 3 sampai 5 disimpan dalam botol yang sudah diisi dengan etanol 70% (v/v) (Widarti et al., 2022), dan diberi label. Kemudian larva tunggal dari masing-masing lokasi diidentifikasi morfologinya di Laboratorium Fakultas Pertanian dan identifikasi molekuler di Laboratorium Patologi Serangga Institut Pertanian Bogor (IPB).

2.3.3.2 Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan gSYNC DNA Extraction Kit (Geneaid Biotech Ltd, Taiwan) dengan menimbang 0,05 ulat dan menempatkannya menempatkannya dalam mortar dengan penambahan cairan nitrogen, diikuti dengan penggerusan dengan alu. Setelah Setelah bentuk bubuk diperoleh, 200 µl buffer GST dengan 20 µl proteinase k ditambahkan dan dipindahkan ke dalam tabung 1,5 ml untuk vortex. Inkubasi dilakukan dilakukan pada suhu 60 ° C selama 1 jam dan setiap 10 menit tabung dibalik untuk mendapatkan hasil yang jernih sampel. Selama inkubasi, buffer elusi adalah dipanaskan untuk setiap sampel sebanyak 200 µl. Selanjutnya sentrifugasi dilakukan pada 14,000 rpm selama 2 menit dan supernatan kemudian dipindahkan ke dalam tabung baru ukuran 1,5 ml, ditambahkan dengan 200 µl buffer GSB, dan dikocok dengan cepat selama 10 detik (Sorvall Biofuge Fresco, Amerika Serikat). Ini diikuti oleh penambahan 200 µl etanol absolut, yang yang juga dikocok dengan cepat selama 10 detik. Semua sampel dipindahkan ke kolom GS dan disentrifugasi pada 14.000 rpm selama 1 menit. Kolom GS adalah kolom spin yang terbuat dari silika untuk mengikat DNA dalam proses pemurnian DNA. Kolom GS selanjutnya dipindahkan ke tabung koleksi 2 ml yang baru tabung koleksi baru 2 ml, ditambahkan dengan 400 µl buffer W1, lalu disentrifugasi pada 14.000 rpm selama 1 menit. Supernatan supernatan tersebut dibuang dan dikembalikan ke kolom GS dalam tabung koleksi 2 m. Akhirnya, 600 µl dari buffer pencuci yang ditambahkan dengan etanol absolut adalah disentrifugasi pada 14.000 rpm selama 1 menit.

2.3.3.3 Amplifikasi DNA

Pada penelitian ini, digunakan 2 primer, yaitu *COI* dan *Tpi*. Primer-primer tersebut dibeli dari Integrated DNA Technologies, Inc, USA, dan dipesan melalui Genetika Science Indonesia, Inc. Daerah barcode dari *COI* menggunakan primer 101F dan 911R untuk mengamplifikasi fragmen DNA dengan ukuran 811 bp. Untuk mendapatkan haplotipe subkelompok *COI*, primer yang digunakan adalah 893F dan 1303R untuk mendapatkan fragmen berukuran 410 bp (Nagoshi et al., 2007). Sementara itu, amplifikasi *Tpi* dilakukan dengan menggunakan primer 282F dan 850R untuk menghasilkan fragmen berukuran 500 bp (Nagoshi, 2010; Nagoshi et al., 2017) (Tabel 2.1).

Tabel 2.1 Primer yang digunakan untuk mengidentifikasi strain spesifik inang dan haplotipe *S. frugiperda* pada jagung

Nama primer	Primer Forward dan Reverse	Referensi
<i>COI</i> A	101F 5'-TTCGAGCTGAATTAGGGACTC-3' 911R 5'-GATGTAAAATATGC TCGTGT-3'	Nagoshi et al. (2007)
<i>COI</i> B	893F 5'-CACGAGCATATTTTACATCWGCA-3' 1303R 5'- CAGGATAGTCAGAATATCGACG-3'	Nagoshi et al. (2007)
<i>Tpi</i> 282F	282F 5'- GGTGAAATCTCCCCTGCTATG -3'	Nagoshi (2010);
<i>Tpi</i> 850R	850R 5'- AATTTTATTACCTGCTGTGG -3'	Nagoshi et al. (2017)

Reaksi Polymerase chain reaction (PCR) dilakukan dengan menggunakan Dream Taq® Green Mastermix 2X. DreamTaq® Green Mastermix (2X) (Thermo Fisher Scientific USA, Nomor Katalog K1081) adalah campuran master PCR siap pakai yang mengandung semua komponen yang diperlukan untuk amplifikasi PCR, kecuali DNA template dan primer. Master mix ini dipesan melalui Genetika Science Indonesia Inc. dengan buffer standar. Secara khusus, PCR dikondisikan dengan 5 denaturasi awal pada suhu 94°C selama 1 menit, diikuti dengan 33 siklus (denaturasi pada suhu 92°C selama 30 detik, penempelan pada suhu 56°C selama 30 detik, dan pemanjangan pada suhu 72°C selama 45 detik), dan pemanjangan akhir pada suhu 72°C selama 3 menit (Nagoshi et al., 2017).

2.3.3.4 Elektroforesis

Elektroforesis dilakukan untuk menguji kualitas hasil PCR dengan mencampurkan 10 µl sampel dengan 6 µl buffer pemuatan gel. Semua sampel

termasuk 100 bp DNA ladder dijalankan dengan gel agarosa 1,8% yang mengandung GelRed dalam 0,5X Tris-borate buffer (TBE 45 mM, basa Tris 45 mM, asam borat, 1 mM EDTA pH 9,0), mengikuti prosedur Nagoshi dkk. (2017). Hasil elektroforesis divisualisasikan menggunakan UV transilluminator dan difoto dengan kamera digital. Sementara itu, hasil PCR yang mengandung DNA *S. frugiperda* beserta primernya dikirim ke perusahaan sekuensing komersial untuk dilakukan sekuensing nukleotida (Tamura et al., 2021).

2.3.3.5 Sekuensing

Produk PCR selanjutnya dianalisis secara kualitatif menggunakan elektroforesis gel agarosa 1%, kemudian sampel dikirim ke Apical Scientific Sdn. Bhd. (Malaysia) untuk disekuensing. Data sekuens nukleotida dirapikan menggunakan perangkat lunak BioEdit, kemudian dianalisis menggunakan program BLAST (www.ncbi.nlm.nih.gov). Hubungan kekerabatan dikonstruksi menggunakan perangkat lunak Molecular Evolutionary Genetic Analysis (MEGA) v 11.0 dengan bootstrap 1.000 kali ulangan (Tamura et al., 2021).

2.3.3.6 Karakterisasi Segmen Gen *COI* dan *Tpi*

Strain *S. frugiperda* diidentifikasi berdasarkan tiga gen target yang sudah diamplifikasi, yaitu gen *COIA*, *COIB*, dan *Tpi*. Analisis sekuens gen *CO1A* digunakan untuk mengidentifikasi spesies *S. frugiperda*. Gen *COIB* digunakan untuk mengidentifikasi haplotipe *S. frugiperda* berdasarkan wilayah yang terdiri dari C-h1, C-h2, C-h3, dan C-h4 (Nagoshi et al. 2007; Nagoshi et al. 2017). Hasil perolehan haplotipe kemudian dihitung berdasarkan rumus $(h4-h2/h4+h2)$ untuk mengetahui jenis strain, yaitu FAW[TX], FAW[FL], atau FAW[M] (mix). Strain FAW[TX] ditunjukkan oleh hasil perhitungan $\leq -0,3$, sedangkan strain FAW[FL] ditunjukkan oleh hasil $\geq 0,1$. Kelompok FAW[M] memiliki nilai indeks perhitungan $0,3 < x < 0,1$, yang merupakan kombinasi dari kedua grup sebelumnya (Nagoshi et al. 2017). Analisis sekuens gen *Tpi* dilakukan untuk mengidentifikasi strain berdasarkan jenis inang yang terdiri dari *Tpi*-C (jagung), *Tpi*-R (Padi) dan *Tpi*-H (peralihan jagung dan padi). Haplotipe di dalam *Tpi* diamati berdasarkan polimorfisme g*Tpi*183Y pada exon-4. Strain *Tpi*-C (jagung), *Tpi*-R (Padi) dan *Tpi*-H (peralihan jagung dan padi) ditandai dengan urutan basa pada exon ke-4 secara berturut-turut, yaitu C, T, dan Y (C/T).

2.3.4 Pengamatan Kerusakan oleh *Spodoptera frugiperda* di Lahan Jagung

Pengamatan serangan *S. frugiperda* dilakukan pada tanaman jagung umur antara 2 sampai 6 minggu (Puji Lestari et al. 2020). Metode pengamatan menggunakan sistem Scouting. Sampel diambil menggunakan pendekatan pola “W” yaitu diambil 20 tanaman secara berturut-turut di lima titik berbeda sehingga total sampel yang diamati adalah 100 tanaman (Prasanna; et al., 2018). Setelah itu dihitung kerusakan tanaman jagung pada sampel pengamatan. Persentase tanaman yang terserang dengan cara menghitung total tanaman yang terserang dibagi dengan jumlah tanaman yang diamati dan dikalikan dengan 100% (Herlinda et al., 2022). Sedangkan intensitas serangan dihitung menggunakan rumus Rivai 2006. $IS = \sum (ni \times vi) / (N \times V) \times 100 \%$. Untuk skor kerusakan mengacu pada skoring Davis. Kategori intensitas serangan hama *S. frugiperda* pada daun tanaman jagung Damayanti et al. (2023).

Tabel 2.2 Kategori Serangan Hama *Spodoptera frugiperda* pada Daun Tanaman Jagung

Kategori	Umur Tanaman		
	0-2 mst	2-4 mst	>4 mst
Ringan	0-10%	0-20%	0-40%
Sedang	11-20%	21-40%	41-60%
Berat	21-40%	41-60%	61-75%
Sangat Berat	41-85%	61-85%	76-85%
Puso	>85%	>85%	>85%

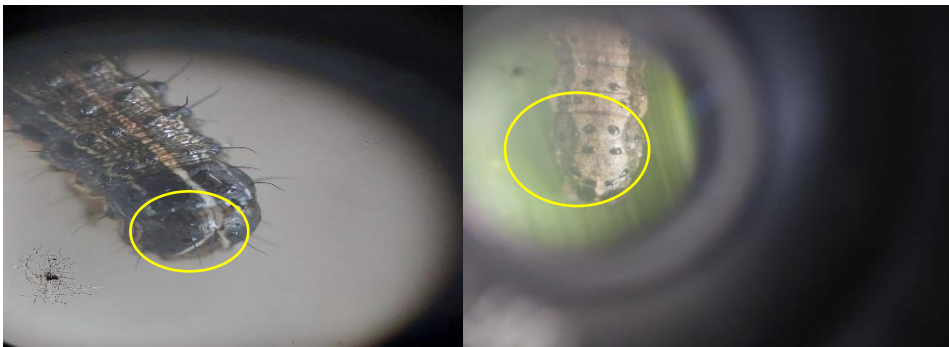
2.3.5 Analisis Data

Data keragaman genetik berdasarkan sekuen gen *COIA* dianalisis secara berurutan, yaitu berupa editing hasil sekuens menggunakan BioEdit, penyejajaran menggunakan Clustal W pada program BioEdit, dan rekonstruksi pohon filogeni dengan metode *neighbor-joining* dan bootstrap 1000 kali menggunakan MEGA XI. Sekuens yang didapatkan akan dibandingkan dengan sekuens autentik beserta sekuens *outgroup* sebagai kontrol yang didapatkan dari *database* GenBank. Hal yang sama dilakukan untuk menganalisis sekuen gen *COIB* dan gen *Tpi*. Sedangkan data intensitas kerusakan dianalisis dihitung menggunakan rumus.

2.4 Hasil dan Pembahasan

2.4.1 Karakteristik Morfologi *S. frugiperda*

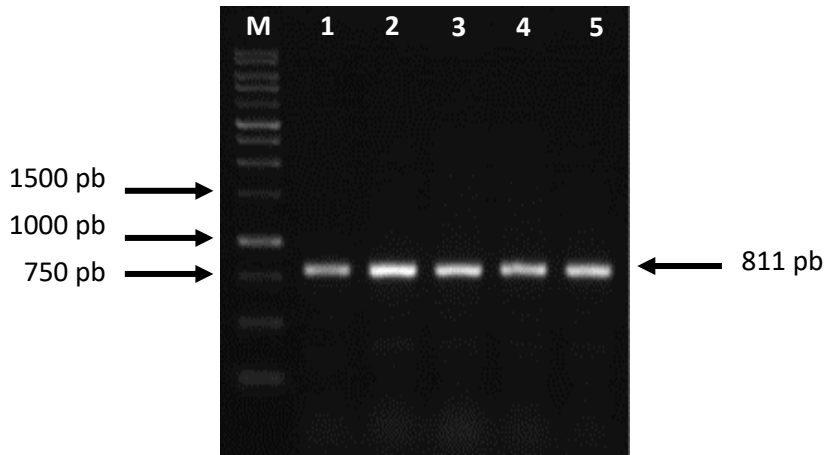
Hasil pengamatan menunjukkan bahwa larva yang ditemukan di semua lokasi penelitian adalah *S. frugiperda*. Dicirikan dari adanya garis yang membentuk huruf Y terbalik di kepala dan empat pinacula berbentuk persegi di pada segmen kedelapan abdomen (Gambar 2.2). Karakteristik morfologi larva ini sama dengan hasil identifikasi yang dilakukan oleh Lestari et al., (2020) dan Sartiami et al., (2020) bahwa ciri morfologi tersebut dididentifikasi sebagai *S. frugiperda*.



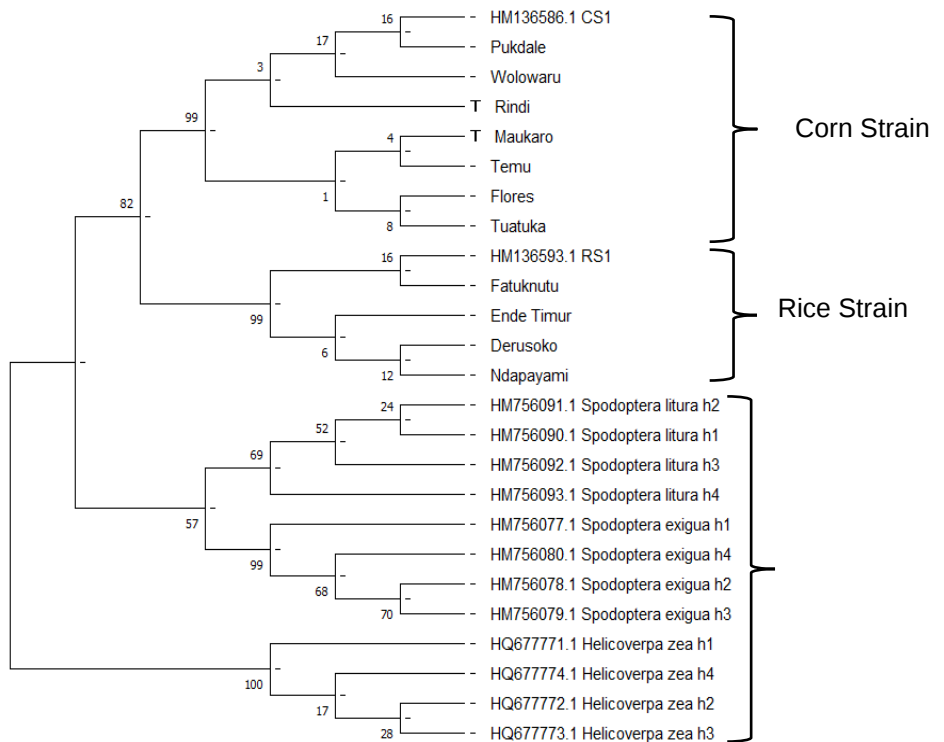
Gambar 2.2 Morfologi *S. frugiperda*; A. garis yang membentuk huruf Y terbalik di kepala; B. empat pinacula berbentuk persegi di pada segmen kedelapan abdomen (Sumber: Dokumentasi Pribadi)

2.4.2 Karakterisasi *S. frugiperda* di NTT menggunakan *COI*A

Hasil amplifikasi penanda *COI* dari sampel 1 (Flores-Kotabaru), 2 (Detusoko), 3 (Ende Timur), 4 (Maukaro), dan 5 (Wolowaru) yang di amplifikasi dengan menggunakan pasangan primer 101F dan 911R diperoleh pita DNA dengan ukuran kurang lebih 810 bp (Gambar 2.3). Keberhasilan ini menunjukkan bahwa teknik amplifikasi yang digunakan efektif untuk mengisolasi gen *COI* dari sampel yang berasal dari berbagai daerah.



Gambar 2.3 Visualisasi hasil PCR penanda *COI* (a) dari sampel 1 (Flores-Kotabaru), 2 (Detusoko), 3 (Ende Timur), 4 (Maukaro), dan 5 (Wolowaru) yang diamplifikasi dengan menggunakan pasangan primer 101F dan 911R dengan fragmen DNA berukuran 811 bp.



Gambar 2.4 Pohon filogenetik berdasarkan gen sitokrom oksidase I (*COI A*) dengan metode Maximum Likelihood dan bootstrap 1000x yang menunjukkan pengelompokan dua galur *S. frugiperda* asal NTT.

Pohon filogenetik *COI* menunjukkan dua strain *S. frugiperda*, yaitu strain jagung dan padi (Gambar 2.4) bahwa sampel dari NTT dikelompokkan dengan strain jagung dan padi dari Florida (HM136586 dan HM136593). Sementara itu, strain jagung ditemukan di Pukdale, Wolowaru, Rindi, Maukaro, Temu, Flores (Kotabaru), dan Tuatuka. Strain padi ditemukan di Fatukanutu, Ende Timur, Detusoko, dan Ndapayami.

2.4.3 Karakterisasi *S. frugiperda* di NTT menggunakan *COIB*

Semua strain jagung menunjukkan haplotipe h4 berdasarkan situs 1164 (G) dan 1287 (G), seperti disajikan pada Tabel 2.3. Perhitungan dengan menggunakan rumus $(CSH4 - CSH2)/(CSH4 + CSH2)$ menghasilkan nilai indeks lebih dari 0,1 yang menunjukkan bahwa *S. frugiperda* memiliki profil haplotipe FAW [FL]. Dengan demikian, profil haplotipe *S. frugiperda* di NTT mendekati profil haplotipe *S. frugiperda* di Florida yang banyak ditemukan di Afrika (Nagoshi et al. 2017). Profil haplotipe di Asia Tenggara baru diketahui di Myanmar, seperti yang juga dilaporkan oleh penelitian serupa yang dilakukan di India dan Afrika (Nagoshi et al. 2020).

Analisis filogenetik dari sekuens gen *COI* (*Cytochrome Oxidase I*) menunjukkan adanya dua strain yang berbeda dalam populasi *S. frugiperda*, sesuai dengan strain jagung dan strain padi yang terkenal dari spesies ini, seperti yang digambarkan pada Gambar 2.4 dan 2.5. Perbedaan ini penting karena kedua jenis ini memiliki preferensi tanaman inang yang berbeda, yang dapat mempengaruhi strategi pengelolaan hama. Sampel yang dikumpulkan dari wilayah Nusa Tenggara Timur (NTT) ditemukan mengelompok dengan strain jagung dan padi yang sebelumnya telah diidentifikasi di Florida (nomor akses GenBank HM136586 dan HM136593), yang mengindikasikan adanya kemungkinan introduksi atau migrasi strain-strain tersebut di wilayah geografis.

Secara khusus, individu-individu yang diidentifikasi sebagai bagian dari strain jagung tersebut berada di beberapa daerah di NTT, termasuk Pukdale, Wolowaru, Rindi, Maukaro, Temu, Flores (Kotabaru), dan Tuatuka. Distribusi ini menunjukkan prevalensi strain jagung yang luas di zona-zona pertanian ini, yang dapat berkorelasi dengan budidaya jagung yang dominan di daerah-daerah ini. Di sisi lain, strain padi sebagian besar ditemukan di Fatukanutu, Ende Timur, Detusoko, dan Ndapayami. Distribusi spasial ini menyoroti adaptasi ekologis strain padi ke daerah-daerah di

mana penanaman padi lebih umum, yang mencerminkan kekhususan inang galur tersebut. Keberadaan kedua strain yang berdekatan secara geografis di NTT menggarisbawahi dinamika populasi *S. frugiperda* yang kompleks dan menimbulkan pertimbangan penting untuk tindakan pengendalian hama lokal, karena strain yang berbeda dapat menunjukkan respons yang berbeda terhadap praktik manajemen.

Tabel 2.3 Polimorfisme yang menunjukkan haplotipe pada galur jagung *S. frugiperda* (*COI-CS*) di berbagai lokasi di NTT dalam kawasan *COIB*.

Kode	Posisi Nukelotida				Lokasi	Referensi
	1122	1125	1164	1287		
JN573287.1 (h1)	C	T	A	A	Florida, USA	Nagoshi <i>et al</i> 2007
JN573288.1 (h2)	-	-	-	G	Florida, USA	Nagoshi <i>et al</i> 2007
JN573289.1 (h3)	-	-	G	-	Florida, USA	Nagoshi <i>et al</i> 2007
JN573290.1 (h4)	-	-	G	G	Florida, USA	Nagoshi <i>et al</i> 2007
Flores	-	-	G	G	Indonesia, Flores (08°32'22.35"S 121°58'52.46"E)	
Detusoko	-	-	G	G	Indonesia, Detusoko (08°43'44.44"S 121°44'42.39"E)	
Ende Timur	-	-	G	G	Indonesia, Ende Timur (08°49'31.80"S 121°40'44.92"E)	
Maukaro	-	-	G	G	Indonesia, Maukaro (08°37'15.98"S 121°31'40.73"E)	
Wolowaru	-	-	G	G	Indonesia, Wolowaru (08°47'44.68"S 121°52'29.95"E)	
Rindi	-	-	G	G	Indonesia, Rindi (10°03'48.98"S 120°37'57.97"E)	
Temu	-	-	G	G	Indonesia, Temu (09°38'07.90"S 120°14'17.57"E)	
Ndapayami	-	-	G	G	Indonesia, Ndapayami (09°38'38.14"S 120°07'05.89"E)	

Kode	Posisi Nukelotida				Lokasi	Referensi
	1122	1125	1164	1287		
Fatukanutu	-	-	G	G	Indonesia, Fatukanutu (10°10'04.56"S 123°53'40.44"E)	
Pukdale	-	-	G	G	Indonesia, Pukdale (10°07'40.28"S 123°49'43.30"E)	
Tuatuka	-	-	G	G	Indonesia, Tuatuka (10°09'11.46"S 123°50'30.10"E)	
AfrCsa1	-	-	G	-	Africa	Nagoshi et al. 2019
AfrCsa2	-	-	-	-	Africa	Nagoshi et al. 2019
COI-RS Consensus	-	C	-	-	Western Hemisphere	Nagoshi et al. 2019
COI-CS Consensus	-	-	R*	R*	Western Hemisphere	Nagoshi et al. 2019

*Keterangan: R=A/G

2.4.4 Karakterisasi *S. frugiperda* di NTT menggunakan *Tpi*

Berdasarkan karakterisasi menggunakan *Tpi*, semua sampel yang ditemukan di NTT merupakan strain jagung atau *Tpi-C*, seperti yang ditunjukkan pada Tabel 2.4. Identifikasi galur ini didasarkan pada situs Tpi183Y pada ekson 4 (gTpi183Y) yang menunjukkan C183. Secara spesifik, karakteristik *Tpi-C* ditemukan memiliki dua varian berdasarkan situs 192 dan 198, seperti yang diamati pada sampel di Afrika, yaitu AfrCa1 (*Tpi-Ca1*) dan AfrCa2 (*Tpi-Ca2*). Lokasi Flores (Kotabaru), Ende Timur, Maukaro, Wolowaru, Rindi, Ndapayami, Fatukanutu, dan Pukdale lebih dekat dengan AfrCa1 (C192 dan C198), sementara Detusoko, Temu, dan Tuatuka lebih dekat dengan AfrCa2 (T192 dan T198).

Tabel 2.4. Polimorfisme yang menunjukkan haplotipe pada galur-galur jagung *S. frugiperda* di berbagai lokasi di NTT di daerah *Tpi*

Kode	Posisi Nukelotida (exon 4)								Lokasi
	129	144	165	168	180	183	192	198	
GQ411914.1 (Tpi-C)	C	G	C	T	C	C	T	T	USA ¹
AfrCa1 (Tpi-C)	-	-	-	-	-	-	C	C	Africa ²
AfrCa2 (Tpi-C)	-	-	-	-	-	-	-	-	Africa ²
Flores	-	-	-	-	-	-	C	C	Flores (08°32'22.35"S 121°58'52.46"E)
Detusoko	-	-	-	-	-	-	-	-	Detusoko (08°43'44.44"S 121°44'42.39"E)
Ende Timur	-	-	-	-	-	-	C	C	Ende Timur (08°49'31.80"S 121°40'44.92"E)
Maukaro	-	-	-	-	-	-	C	C	Maukaro (08°37'15.98"S 121°31'40.73"E)
Wolowaru	-	-	-	-	-	-	C	C	Wolowaru (08°47'44.68"S 121°52'29.95"E)
Rindi	-	-	-	-	-	-	C	C	Rindi (10°03'48.98"S 120°37'57.97"E)
Temu	-	-	-	-	-	-	-	-	Temu (09°38'07.90"S 120°14'17.57"E)
Ndapayami	-	-	-	-	-	-	C	C	Ndapayami (09°38'38.14"S 120°07'05.89"E)
Fatukanutu	-	-	-	-	-	-	C	C	Fatukanutu (10°10'04.56"S 123°53'40.44"E)
Pukdale	-	-	-	-	-	-	C	C	Pukdale (10°07'40.28"S 123°49'43.30"E)
Tuatuka	-	-	-	-	-	-	-	-	Tuatuka (10°09'11.46"S 123°50'30.10"E)
AfrRa1 (Tpi-R)	T	A	-	C	G	T	C	C	Africa ²
AfrCa1/Ra1 (Tpi-H)	Y*	R*	-	-	-	Y*	C	C	Africa ²
AfrCa2/Ra1 (Tpi-H)	Y*	R*	-	-	-	Y*	Y*	Y*	Africa ²

Kode	Posisi Nukleotida (exon 4)								Lokasi
	129	144	165	168	180	183	192	198	
MT767446.1 (Tpi-R)	T	A	-	C	G	T	C	C	Tiongkok
Tpi-R Consensus	-	-	T	C	-	T	-	-	Western Hemisphere ²
Tpi-C Consensus	-	-	-	-	-	-	Y*	Y*	Eastern Hemisphere ²

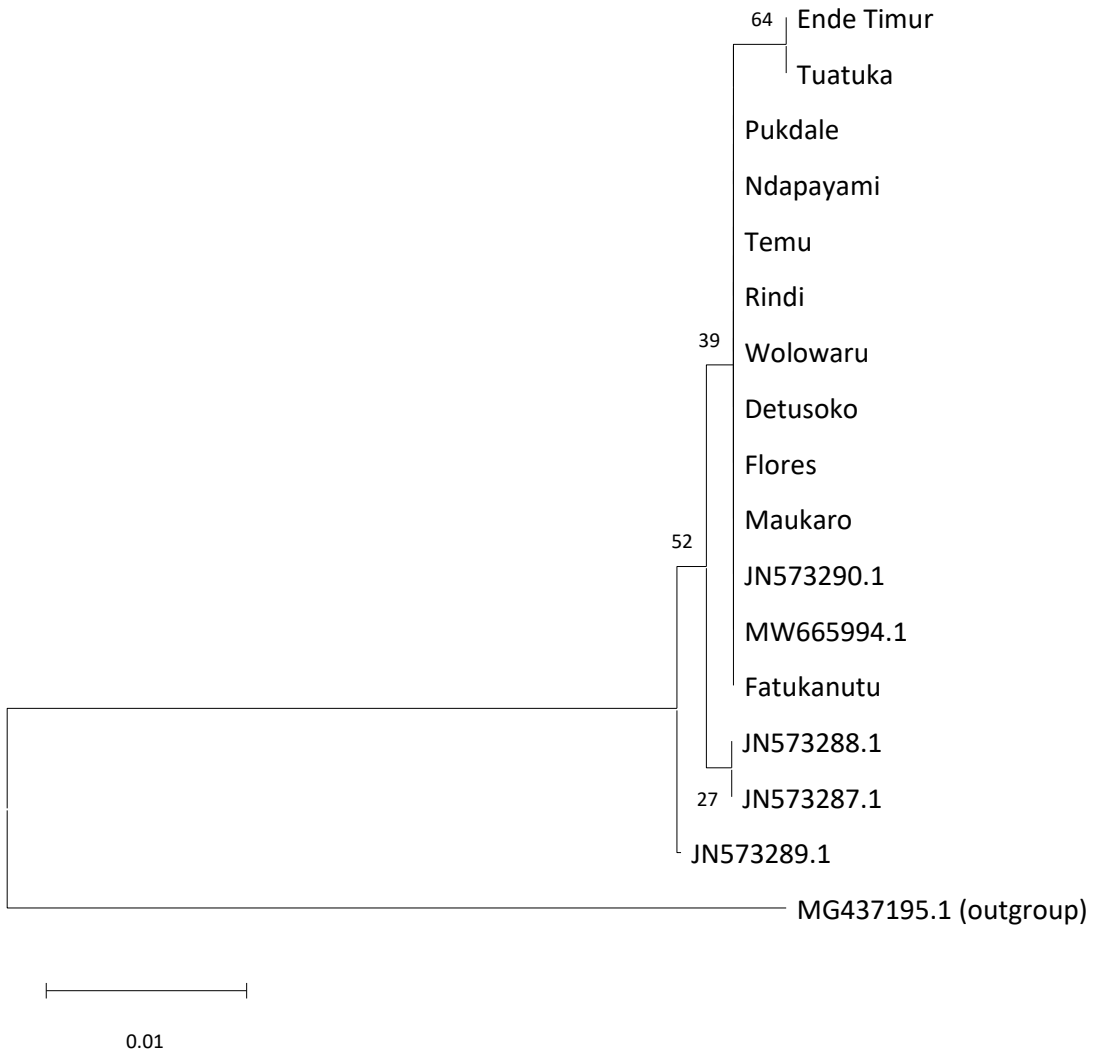
*Description: Y= C/T, R=A/G; ¹Nagoshi 2010; ² Nagoshi *et al.* 2019

Pada analisis populasi *S. frugiperda* di Nusa Tenggara Timur (NTT), semua strain jagung diidentifikasi memiliki haplotipe h4. Identifikasi ini didasarkan pada keberadaan situs nukleotida spesifik pada posisi 1164 dan 1287 dari gen *COI*, yang keduanya dicirikan oleh *nukleotida guanin* (G). Situs-situs ini sangat penting dalam membedakan antara haplotipe dalam spesies, karena mereka mewakili penanda genetik spesifik yang membedakan haplotipe h4 dari haplotipe lainnya.

Pentingnya situs nukleotida ini terletak pada perannya sebagai penanda molekuler yang memungkinkan para peneliti untuk mengklasifikasikan dan melacak berbagai haplotipe *S. frugiperda* di berbagai wilayah geografis. Dalam hal ini, keberadaan guanin pada posisi 1164 dan 1287 menegaskan haplotipe h4, yang terkait dengan strain jagung *S. frugiperda*. Konsistensi genetik di antara strain-strain jagung di NTT menunjukkan populasi yang relatif seragam dalam hal haplotipe. Diferensiasi antara haplotipe sangat penting untuk memahami sejarah evolusi, pola migrasi, dan adaptasi *S. frugiperda*. Perhitungan menggunakan rumus $(CSh4 - CSh2)/(CSh4 + CSh2)$, yang menghasilkan nilai indeks lebih besar dari 0,1, semakin mendukung klasifikasi populasi-populasi tersebut sebagai memiliki profil haplotipe FAW [FL]. Profil ini selaras dengan populasi yang ditemukan di Florida dan juga lazim di Afrika, yang mengindikasikan kemungkinan adanya hubungan historis atau tekanan lingkungan yang serupa yang membentuk populasi-populasi ini.

Identifikasi haplotipe FAW [FL] di NTT sangat penting karena menunjukkan bahwa profil haplotipe *S. frugiperda* di wilayah ini mirip dengan yang ditemukan di Florida dan tersebar luas di Afrika, seperti yang didokumentasikan oleh Nagoshi *et al.* (2017). Keterkaitan ini menyoroti potensi penyebaran hama ini secara global dan kemampuannya beradaptasi di lingkungan yang berbeda. Selain itu, referensi ke Asia Tenggara, khususnya Myanmar, di mana profil haplotipe yang sama telah diamati, menunjukkan pola regional yang lebih luas. Kemiripan profil haplotipe antara NTT dan wilayah lain, seperti India dan Afrika, seperti yang dilaporkan oleh Nagoshi

et al. (2020), menggarisbawahi sifat hama ini yang tersebar luas dan kemampuannya untuk mempertahankan sifat genetik tertentu di berbagai lokasi geografis. Memahami distribusi haplotipe ini sangat penting untuk mengembangkan strategi pengelolaan hama yang ditargetkan dengan mempertimbangkan keragaman genetik dan kemampuan beradaptasi populasi *S. frugiperda*.



Gambar 2.5 Pohon filogeni *S. frugiperda* berdasarkan sekuen nukleotida gen *CO1B* yang diolah menggunakan metode Neighbor-Joining dengan model Kimura-2 (1.000× bootstrap).

Berdasarkan pohon filogenetik, *S. frugiperda* dari NTT memiliki kekerabatan yang paling dekat dengan sampel yang ada di Florida. Hasil karakterisasi

menunjukkan bahwa *S. frugiperda* yang berasal dari beberapa lokasi di NTT diklasifikasikan ke dalam dua strain, yaitu padi dan jagung (Tabel 2.5). Klasifikasi tersebut didasarkan pada penanda gen *COIA* yang terdiri dari 63,6% sampel jagung dari Pukdale, Wolowaru, Rindi, Maukaro, Temu, Flores (Kotabaru), dan Tuatuka serta 36,4% sampel padi dari Fatukanutu, Ende Timur, Detusoko, dan Ndapayami. Demikian pula, Dharmayanthi et al. (2022); Fahmi et al. (2023); Nagoshi et al. (2020) melaporkan bahwa proporsi galur padi di Asia Tenggara berdasarkan penanda gen *COI* relatif dominan. Namun, Zhang et al. (2024) menyatakan bahwa *S. frugiperda* diidentifikasi sebagai strain jagung berdasarkan penanda gen *COI* dan *Tpi*. Hal ini dikarenakan varietas jagung memberikan efisiensi yang lebih tinggi dalam konversi dan asimilasi hara serta kemampuan beradaptasi dalam proses pencernaan dan detoksifikasi dengan meningkatkan aktivitas amilase dan lipase (Zhang et al., 2024). Proporsi strain jagung dikaitkan dengan ketersediaan lahan yang lebih luas di NTT, berkisar antara 280-309 Ha pada tahun 2020-2022 (BPS, 2022, 2023). Sementara itu, lahan sawah hanya sekitar 170-180 Ha pada tahun yang sama. Perbedaan luas lahan ini berkontribusi pada pengembangan strain jagung yang lebih besar dibandingkan dengan padi. *COIA* merupakan bagian dari segmen gen *COI* dari arah 5' yang mengandung informasi berupa barcode dan penanda galur inang (Nagoshi et al. 2020; Nagoshi et al., 2017).

Tabel 2.5. Karakterisasi Strain *S. frugiperda* berdasarkan penanda gen *COI* dan *Tpi* yang ditemukan pada pertanaman Jagung di NTT

Pulau	Lokasi	Koordinat	Tipe Strain	
			COI	Tpi
Flores	Kotabaru	08°32'22.35"S 121°58'52.46"E	Jagung	Jagung
	Maukaro	08°37'15.98"S 121°31'40.73"E	Jagung	Jagung
	Wolowaru	08°47'44.68"S 121°52'29.95"E	Jagung	Jagung
	Detusoko	08°43'44.44"S 121°44'42.39"E	Padi	Jagung
	Ende Timur	08°49'31.80"S 121°40'44.92"E	Padi	Jagung
Sumba	Ndapayami	09°38'38.14"S 120°07'05.89"E	Padi	Jagung
	Temu	09°38'07.90"S 120°14'17.57"E	Jagung	Jagung
	Rindi	10°03'48.98"S 120°37'57.97"E	Jagung	Jagung
Timor	Pukdale	10°07'40.28"S 123°49'43.30"E	Jagung	Jagung
	Tuatuka	10°09'11.46"S 123°50'30.10"E	Jagung	Jagung
	Fatukanutu	10°10'04.56"S 123°53'40.44"E	Padi	Jagung

Berdasarkan karakterisasi berdasarkan *COIB*, *S. frugiperda* dari NTT termasuk ke dalam subkelompok haplotipe h4. Hal ini menunjukkan bahwa sampel dari NTT memiliki kemiripan dengan Florida karena proporsi CS-h4 yang lebih tinggi (Nagoshi et al. 2020; Nagoshi et al. 2018; Nagoshi et al. 2017). Demikian pula, Nagoshi et al. (2020) menyatakan haplotipe dominan yang ditemukan di Asia Tenggara adalah h4. *COIB* merupakan bagian dari segmen gen COI dari arah 3' yang mengandung informasi mengenai subkelompok (Nagoshi et al., 2020; Nagoshi et al. (2017)). Berdasarkan penanda gen *Tpi* semua sampel diklasifikasikan sebagai strain jagung dengan dua varian, yaitu AfrCa1 (*Tpi*-Ca1) dan AfrCa2 (*Tpi*-Ca2) sesuai dengan situs 192 dan 198. Pada penelitian ini, *Tpi-H* tidak mirip dengan sampel yang diamati di Myanmar oleh Nagoshi et al. (2020). Hal ini dapat menjadi dasar asumsi bahwa tidak ada strain padi di NTT. Oleh karena itu, perkawinan antargalur belum terjadi untuk menghasilkan galur hibrida berdasarkan penanda gen *Tpi* (*Tpi-H*). Keberadaan galur *Tpi-H* di Asia Tenggara perlu mendapat perhatian yang signifikan karena kemungkinan penyebarannya ke masyarakat sekitar di Indonesia. Oleh karena itu, perlu dilakukan pemantauan secara berkala sebagai bentuk deteksi dini terhadap galur yang mengancam.

Hasil deteksi strain dengan dua penanda gen menghasilkan kombinasi yang homogen (COI-CS *Tpi*-CS). Namun, Fahmi et al. (2023) melakukan percobaan di Bogor dan menemukan strain hibrida *S. frugiperda* (COI-RS *Tpi*-CS) berdasarkan penanda gen *COI* dan *Tpi*. Meskipun penelitian ini menunjukkan kombinasi strain yang homogen, namun masih terdapat kemungkinan adanya strain hibrida di Indonesia. Ketidakkonsistenan deteksi dengan penanda gen *COI* dan *Tpi* dapat disebabkan oleh kesesuaian penanda gen tersebut. Berdasarkan hasil penelitian, *COI* ternyata lebih cocok digunakan di daerah Barat dibandingkan dengan Indonesia yang berada di Asia Tenggara. Sementara itu, *Tpi* dinilai sesuai untuk digunakan di wilayah Timur dan lebih akurat dalam menunjukkan preferensi pakan utama *S. frugiperda* (Nagoshi et al. 2020). Hal ini didukung oleh konsistensi hasil deteksi dengan *Tpi* yang menunjukkan strain jagung yang baik di Myanmar, Bogor, dan NTT.

Identifikasi haplotipe h4 pada galur jagung *S. frugiperda* di NTT menggarisbawahi perlunya strategi pengendalian hama yang spesifik untuk wilayah tertentu yang didasarkan pada susunan genetik populasi hama setempat. Kombinasi homogen antara penanda *COI*-CS dan *Tpi*-CS yang ditemukan dalam penelitian ini menunjukkan bahwa populasi *S. frugiperda* di NTT relatif seragam dalam komposisi

genetiknya, yang dapat menguntungkan untuk mengembangkan pendekatan pengelolaan hama yang ditargetkan. Namun demikian, ditemukannya galur hibrida seperti galur *COI-RS Tpi-CS* di daerah lain di Indonesia, seperti di Bogor, mengindikasikan bahwa hibridisasi masih mungkin terjadi, sehingga berpotensi menimbulkan dinamika hama yang lebih kompleks. Oleh karena itu, pemantauan genetik secara terus menerus di NTT sangat penting untuk mendeteksi perubahan struktur populasi, termasuk munculnya strain hibrida, yang mungkin memerlukan tindakan pengendalian yang berbeda atau tambahan.

Selain itu, perbedaan regional dalam keefektifan penanda gen, dengan *COI* yang lebih sesuai di wilayah Barat dan *Tpi* terbukti lebih akurat di wilayah Timur seperti NTT, menunjukkan bahwa praktik pengelolaan hama harus disesuaikan dengan karakteristik genetik lokal. Keandalan penanda *Tpi* dalam mendeteksi galur jagung di NTT selaras dengan fokus pertanian di wilayah ini pada jagung, dan wawasan ini harus memandu pemilihan strategi pengendalian yang secara khusus efektif terhadap haplotipe h4. Sebagai contoh, langkah-langkah pengendalian hama dapat mencakup penggunaan varietas jagung yang tahan terhadap karakteristik spesifik dari haplotipe h4 atau waktu intervensi untuk menargetkan tahap siklus hidup yang paling rentan terhadap gangguan. Selain itu, memahami perbedaan genetik ini dapat membantu menghindari penggunaan metode berspektrum luas yang mungkin kurang efektif atau secara tidak sengaja dapat mendorong penyebaran galur hibrida atau resisten.

2.4.5 Kerusakan Jagung yang disebabkan oleh Hama ulat Grayak *S. frugiperda*

Hasil survei yang dilakukan di 13 lokasi di Nusa Tenggara Timur menunjukkan bahwa semua lokasi terserang *S. frugiperda* dengan rerata persentase sebesar 100%. Sedangkan rerata intensitas serangan *S. frugiperda* tertinggi di desa Tuatuka sebesar 83.52% dan terendah di desa Wolofeo sebesar 22.11% (Tabel 2.6).

Tabel 2.6 Persentase dan Intensitas serangan Hama Ulat Grayak *S. frugiperda* Pada Pertanaman Jagung di Propinsi NTT

Lokasi Survei	Ketinggian Tempat (mdpl)	Titik Koordinat	Tanaman terserang (%)	Intensitas Serangan (%)	Kategori Serangan
Desa Wolofeo	672	08°43'44.44"S 121°44'42.39"E	100	22.11	Sedang
Desa Tou Timur	237	08°32'22.35"S 121°58'52.46"E	100	50.91	Berat
Desa Rewarangga Selatan	30	08°49'31.80"S 121°40'44.92"E	100	61.20	Sangat Berat
Desa Mbuliwaralau Utara	146	08°48'21.51"S 121°52'35.81"E	100	67.23	Sangat Berat
Desa Kebirangga	24	08°37'15.98"S 121°31'40.73"E	100	61.71	Sangat Berat
Desa Lailanjang	245	10°03'53.49"S 120°38'04.90"E	100	44.00	Berat
Desa Ndapayami	436	09°38'38.14"S 120°07'05.89"E	100	74.29	Sangat Berat
Kelurahan Temu	25	09°38'07.90"S 120°14'17.57"E	100	82.18	Sangat Berat
Desa Fatukanutu	160	10°10'06.47"S 123°53'39.16"E	100	31.29	Sedang
Desa Oesao	21	10°06'55.23"S 123°48'52.93"E	100	58.34	Berat
Desa Oeteta	21	10°00'36.23"S 123°45'39.34"E	100	43.98	Berat
Desa Pukdale	32	10°07'40.28"S 123°49'43.30"E	100	70.52	Sangat Berat
Desa Tuatuka	49	10°09'05.13"S 123°50'28.49"E	100	83.52	Sangat Berat

Persentase tanaman terserang di semua lokasi menunjukkan bahwa *S. frugiperda* telah menyebar secara merata di Nusa Tenggara Timur. Hal ini disebabkan karena ketersediaan tanaman jagung dalam jumlah yang banyak dan umur tanaman jagung yang diamati rata-rata 2 sampai 5 minggu setelah tanam (MST). Kesukaan larva tersebut pada tanaman muda mempunyai hubungan erat dengan kesesuaian tanaman sebagai sumber pakan yang cocok dan menjamin keberlangsungan hidup larva (Dhar et al. 2019). Tanaman jagung di setiap lokasi yang terserang larva *S. frugiperda* menunjukkan ciri-ciri yang khas, yaitu daun

berlubang dan transparan (Gambar 2A) serta ditemukan larva di daun maupun batang dan bekas gerkannya seperti serbuk gergaji (Gambar 2B). Selaras dengan temuan (Nonci et al., 2019) bahwa *S. frugiperda* merusak tanaman jagung dengan cara larva mengerek daun dan larva instar 1 awalnya memakan jaringan daun serta meninggalkan lapisan epidermis yang transparan. Larva memiliki kemampuan makan yang tinggi. Larva akan masuk ke dalam bagian tanaman dan aktif makan disana, sehingga bila populasi masih sedikit akan sulit dideteksi. Imagonya merupakan penerbang yang kuat dan memiliki daya jelajah yang tinggi (CABI & FAO, 2019). Menurut penelitian Chimweta et al. (2020), kerusakan dan kehilangan hasil panen yang disebabkan oleh ulat grayak dapat dipengaruhi oleh stadium dan tingkat kerentanan tanaman selain kepadatan populasi dan stadium hama serangga. Semakin tinggi kepadatan populasi hama, semakin berat kerusakan yang ditimbulkan. Tingkat keparahan kerusakan tanaman juga dipengaruhi oleh kemampuan merusak suatu hama (Pathania et al. 2020). Kemampuan merusak larva *S. frugiperda* 10 kali lebih berat jika dibandingkan dengan hama pemakan daun jagung lainnya (CABI & FAO, 2019) dan lebih parah terjadi pada fase vegetatif (Suby et al. 2020). Faktor lain yang juga berpengaruh adalah kemampuan migrasi imago *S. frugiperda* yang sangat tinggi sehingga dapat berpindah dari satu lokasi ke lokasi lainnya. Imago memiliki kapasitas migrasi mencapai sekitar 100 km per malam sehingga menyebar dengan cepat ke daerah lain (Tendeng et al. 2019). Penyebaran hama didukung oleh tingkat reproduksi yang tinggi, kisaran inang yang luas dan kemampuan beradaptasi terhadap lingkungan yang berbeda dengan cepat (Otim et al. 2021). Selain itu, kondisi suhu dan kelembaban di setiap lokasi pengamatan rata-rata berkisar antara 27.05°C sampai 27.33°C dan kelembaban udara rata-rata 86.25%. Suhu ini termasuk suhu optimal bagi perkembangan *S. frugiperda*. Hasil penelitian Nurzannah et al. (2020) menunjukkan bahwa suhu optimum untuk perkembangan larva adalah 28°C, sedangkan pupa dan imago membutuhkan suhu yang lebih rendah. Suhu optimum juga akan mempengaruhi populasi hama karena dalam waktu yang singkat (kurang dari 30 hari) akan terbentuk generasi baru dan menghasilkan minimal 12 generasi dalam setahun jika inang tersedia (Du Plessis et al. 2020).

Intensitas serangan tertinggi di desa Tuatuka sebesar 83.520% dengan kategori serangan sangat berat. Hal ini disebabkan karena jagung umumnya ditanam secara monokultur pada hamparan luas, umur tanaman rata-rata 2 minggu sampai 5 minggu setelah tanam (MST) dan varietas yang ditanam adalah Arumba atau jagung pulut.

Tanaman jagung yang dibudidayakan secara monokultur menyebabkan tingginya populasi serta intensitas serangan *S. frugiperda*, karena tersedia makanan dalam jumlah banyak dan berkelanjutan. Tingginya intensitas serangan juga dipengaruhi oleh kandungan nutrisi serta morfologi tanaman jagung sesuai yang sesuai untuk perkembangan *S. frugiperda*. Selaras dengan penelitian Arfan et al. (2020) bahwa varietas jagung hibrida yang ditanam secara monokultur menunjukkan populasi dan intensitas serangan *S. frugiperda* paling tinggi. Liu et al. (2020) mengatakan bahwa perubahan penggunaan lahan dan penanaman tanaman dalam areal yang luas mempengaruhi dan meningkatkan adaptasi dan kesesuaian habitat *S. frugiperda*. Sedangkan intensitas serangan terendah di desa Wolofeo sebesar 22.112% termasuk kategori serangan sedang, karena sebagian besar jagung ditanam secara polikultur dengan sistem tumpangsari antara jagung dan kacang tanah dan varietas yang ditanam adalah Pionner. Selaras dengan penelitian Asfiya et al. (2020). Penanaman secara tumpangsari atau polikultur dan rotasi tanaman jagung dengan tanaman non penghasil seperti bunga mawar dan kacang-kacangan ternyata sangat berguna untuk meminimalisir serangan *S. frugiperda* (J. Srikanth et al., 2019). Menurut Baudron et al. (2019) bahwa pola tanam jagung dan tanaman kelompok Cucurbitaceae sebaiknya dihindari karena disinyalir dapat menjadi inang alternatif yang berdampak pada meningkatkan tingkat serangan *S. frugiperda* di area pertanian. Sedangkan, Altieri et al. (1978), beberapa jenis tanaman Fabaceae apabila ditanam tumpang sari dengan jagung dianggap dapat menurunkan tingkat serangan *S. frugiperda*. Namun, tentu saja hal ini perlu dibuktikan secara lebih lanjut, mengingat di beberapa negara tanaman kacang-kacangan juga dilaporkan sebagai inang alternatif (Goergen et al. 2016).



Gambar 2.6 Gejala Kerusakan oleh Larva *Spodoptera frugiperda* pada tanaman jagung: daun berlubang dan transparan (A), larva dan bekas gerakannya (B) (Sumber: Dokumentasi Pribadi).

2.5 Kesimpulan

1. Keragaman genetik hama pada tanaman jagung di NTT berdasarkan *COI* adalah strain *COI-CS* dan *COI-RS* yang merupakan haplotipe h4 dan berdasarkan *Tpi* adalah *Tpi-C* atau strain jagung.
2. Insidensi serangan *S. frugiperda* di NTT sebesar 100% sedangkan intensitas kerusakan berkisar 22.11% sampai 83.52% dengan tingkat serangan sedang hingga sangat berat.

2.6 Daftar Pustaka

- Abrahams, A. P., Bateman, M., Beale, T., Clotey, V., Cock, M., Colmenarez, Y., Corniani, N., Day, R., Early, R., Godwin, J., Gomez, J., Moreno, P. G., Murphy, S. T., Oppong-mensah, B., Phiri, N., Pratt, C., Richards, G., Silvestri, S., & Witt, A. (2017). Fall Armyworm : Impacts and Implications for Africa. *Outlooks on Pest Management*, 5(28), 196–201.
- Arfan, If'all, Jumardin, Noer, H., & Sumarni. (2020). Populasi dan Tingkat Serangan *Spodoptera frugiperda* pada Tanaman Jagung di Desa Tulo Kabupaten Sigi. *Journal of Agrotech*, 10(2), 66–68.
- Asfiya, W., Subagyo, V. N. O., Dharmayanthi, A. B., & Rachmatiyah, R. (2020). Intensitas serangan *Spodoptera frugiperda* J . E . Smith (Lepidoptera : Noctuidae) pada pertanaman jagung di Kabupaten Garut dan Tasikmalaya , Jawa Barat. *Jurnal Entomologi Indonesia*, 17(3), 163–167. <https://doi.org/10.5994/jei.17.3.163>
- Assefa, Y. (2019). Molecular identification of the invasive strain of *Spodoptera frugiperda* (JE smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in Swaziland. *International Journal of Tropical Insect Science*, 39(1), 73–78. <https://doi.org/10.1007/s42690-019-00018-5>
- Baudron, F., Zaman-Allah, M. A., Chaipa, I., Chari, N., & Chinwada, P. (2019). Understanding the factors influencing fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) damage in African smallholder maize fields and quantifying its impact on yield. A case study in Eastern Zimbabwe. *Crop Protection*, 120, 141–150. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.01.028>
- CABI, & FAO. (2019). *Community-Based Fall Armyworm (Spodoptera frugiperda) Monitoring, Early Warning and Management Traing of Trainers Manual. Training of Trainers Manual First Edition. US AID from the American People. FAO, Rome. (First Edit). the Food and Agriculture Organization of the United Nations and CAB International.* <https://www.cabi.org/wp-content/uploads/ToT-manual.pdf>
- Chimweta, M., Nyakudya, I. W., Jimu, L., & Bray Mashingaidze, A. (2020). Fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) damage in maize: management options for flood-recession cropping smallholder farmers. *International Journal of Pest Management*, 66(2), 142–154. <https://doi.org/10.1080/09670874.2019.1577514>
- Damayanti, D. R., Megasari, D., & Khoiri, S. (2023). Serangan *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) pada Pertanaman Jagung di Kabupaten Lamongan. *Agropross : National Conference Proceedings of Agriculture*, 274–280.

- <https://doi.org/10.25047/agropross.2023.468>
- De Groote, H., Kimenju, S. C., Munyua, B., Palmas, S., Kassie, M., & Bruce, A. (2020). Spread and impact of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) in maize production areas of Kenya. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 292(July 2019), 106804. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2019.106804>
- Dhar, T., Bhattacharya, S., Chatterjee, H., Senapati, S., Bhattacharya, P., Poddar, P., Ashika, T., & Venkatesan, T. (2019). Occurrence of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) on maize in West Bengal, India and its field life table studies. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 7(4), 869–875. www.boldsystems.org
- Dharmayanthi, A. B., Subagyo, V. N. O., Taufiq Purna Nugraha, R., 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(8), 3928–3935. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230809>
- Dumas, P., Legeai, F., Lemaitre, C., Scaon, E., Orsucci, M., Labadie, K., Gimenez, S., Clamens, A. L., Henri, H., Vavre, F., Aury, J. M., Fournier, P., Kergoat, G. J., & d'Alençon, E. (2015). *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) host-plant variants: two host strains or two distinct species? *Genetica*, 143(3), 305–316. <https://doi.org/10.1007/s10709-015-9829-2>
- Fahmi, F., Kusumah, R. Y. M., & 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), 1–9. <https://jurnal.pei-pusat.org/index.php/jei/article/view/747>
- Goergen, G., Kumar, P. L., Sankung, S. B., Togola, A., & Tamò, M. (2016). First report of outbreaks of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J E Smith) (Lepidoptera, Noctuidae), a new alien invasive pest in West and Central Africa. *PLoS ONE*, 11(10), 1–9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165632>
- Hannalene Du Plessis, Schlemmer, M.-L., & Berg, J. Van den. (2020). The Effect of Temperature on the Development of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *MDPI: Insects*, 11(228), 1–11.
- 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(6), 412–419. <https://doi.org/10.1016/j.jssas.2021.11.003>
- J. Srikanth, N., Geetha, B. Singaravelu, T; Ramasubramanian, P. M., L. Saravanan, K. P., Salin, N. C., & Muthukumar., M. (2019). First report of occurrence of fall armyworm *Spodoptera frugiperda* in sugarcane from Tamil nadu, India. 8(2), 195–202. <https://www.researchgate.net/publication/333130230>
- Jing, D. P., Guo, J. F., Jiang, Y. Y., Zhao, J. Z., Sethi, A., He, K. L., & Wang, Z. Y. (2020). Initial detections and spread of invasive *Spodoptera frugiperda* in China and comparisons with other noctuid larvae in cornfields using molecular techniques. *Insect Science*, 27(4), 780–790. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12700>
- Lestari, P., Budiarti, A., Fitriana, Y., Susilo, F., Swibawa, I. G., Sudarsono, H., Suharjo, R., Hariri, A. M., Purnomo, Nuryasin, Solikhin, Wibowo, L., Jumari, & Hartaman, M. (2020). Identification and genetic diversity of *Spodoptera frugiperda* in Lampung province, Indonesia. *Biodiversitas*, 21(4), 1670–1677. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d210448>

- Levy, H. C., Maruniak, A. G., & Maruniak, J. E. (2002). (Lepidoptera: Noctuidae) Insects and Cell Line: Pcr-Rflp of Cytochrome Oxidase C Subunit I Gene. *Florida Entomologist*, 85(March), 186–190.
- Liu, T., Wang, J., Hu, X., & Feng, J. (2020). Land-use change drives present and future distributions of Fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae). *Science of The Total Environment*, 706(1), 135872.
- Malekera, M. J., Mamba, D. M., Bushabu, G. B., Murhula, J. C., Hwang, H. S., & Lee, K. Y. (2023). Genetic Diversity of the Fall Armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) in the Democratic Republic of the Congo. *Agronomy*, 13(8), 1–18. <https://doi.org/10.3390/agronomy13082175>
- Monnerat, R., Martins, E., Queiroz, P., Ordúz, S., Jaramillo, G., Benintende, G., Cozzi, J., Real, M. D., Martinez-Ramirez, A., Rausell, C., Cerón, J., Ibarra, J. E., Del Rincon-Castro, M. C., Espinoza, A. M., Meza-Basso, L., Cabrera, L., Sánchez, J., Soberon, M., & Bravo, A. (2006). Genetic variability of *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera: Noctuidae) populations from Latin America is associated with variations in susceptibility to *Bacillus thuringiensis* cry toxins. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(11), 7029–7035. <https://doi.org/10.1128/AEM.01454-06>
- Montezano, D. G., Specht, A., Sosa-Gómez, D. R., Roque-Specht, V. F., Sousa-Silva, J. C., Paula-Moraes, S. V., Peterson, J. A., & Hunt, T. E. (2018). Host Plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas. *African Entomology*, 26(2), 286–300. <https://doi.org/10.4001/003.026.0286>
- Mukkun, L., Kleden, Y. L., & Simamora, A. V. (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(1), 20–26. <https://doi.org/10.13057/tropdrylands/t050104>
- Nagoshi, R., Htain, N. N., Boughton, D., Zhang, L., Xiao, Y., Nagoshi, B. Y., & 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(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58249-3>
- Nagoshi, R. N., Goergen, G., Tounou, K. A., Agboka, K., Koffi, D., & Meagher, R. L. (2018). Analysis of strain distribution, migratory potential, and invasion history of fall armyworm populations in northern Sub-Saharan Africa. *Scientific Reports*, 8(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21954-1>
- Nagoshi, R. N., Fleischer, S., & Meagher, R. L. (2017). Demonstration and Quantification of Restricted Mating between Fall Armyworm Host Strains in Field Collections by SNP Comparisons. *Journal of Economic Entomology*, 110(6), 2568–2575. <https://doi.org/10.1093/jee/tox229>
- Nagoshi, R. N., Meagher, R. L., & Hay-Roe, M. (2012). Inferring the annual migration patterns of fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in the United States from mitochondrial haplotypes. *Ecology and Evolution*, 2(7), 1458–1467. <https://doi.org/10.1002/ece3.268>
- Nagoshi, R. N. (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(2), 283–292. <https://doi.org/10.1603/AN09046>
- Nagoshi, Rodney N., Koffi, D., Agboka, K., Tounou, K. A., Banerjee, R., Jurat-Fuentes, J. L., & Meagher, R. L. (2017). Comparative molecular analyses of invasive fall armyworm in Togo reveal strong similarities to populations from the eastern United States and the Greater Antilles. *PLoS ONE*, 12(7), 1–15.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181982>

- Nelly, N., Hamid, H., Lina, E. C., & Yunisman. (2021). Distribution and genetic diversity of *Spodoptera frugiperda* j. E. smith (noctuidae: Lepidoptera) on maize in west sumatra, indonesia. *Biodiversitas*, 22(5), 2504–2511. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220507>
- Nonci, N., Kalgutny, Hary, S., Mirsam, H., Muis, A., Azrai, M., & Aqil, M. (2019). Pengenalan Fall Armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) Hama Baru Pada Tanaman Jagung Di Indonesia. *Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian Balai Penelitian Tanaman Serealia* Vol. 73.1-52
- Nurzannah, S. E., Girsang, S. S., Girsang, M. A., & Effendi, R. (2020). Impact of climate change to fall armyworm attack on maize in Karo District, North Sumatera. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 484(1), 1–7. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/484/1/012111>
- Otim, M. H., Aropet, S. A., Opio, M., Kanyesigye, D., & Opolot, H. N. (2021). *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera : Noctuidae) in Different Maize Producing Regions of Uganda. *Insects MDPI*, 12(121), 1–18.
- Pathania, M., Verma, A., Singh, M., Arora, P. K., & Kaur, N. (2020). Influence of abiotic factors on the infestation dynamics of whitefly, *Bemisia tabaci* (Gennadius 1889) in cotton and its management strategies in North-Western India. *International Journal of Tropical Insect Science*, 40(4), 969–981. <https://doi.org/10.1007/s42690-020-00155-2>
- Prasanna, B. M., Huesing, J. E., Eddy, R., & Peschke, V. M. (2018). *Fall armyworm in Africa: A guide for Integrated Pest Management* (B. Prasanna, J. E. Huesing, R. Eddy, & V. M. Peschke (eds.); 1st ed.). USAID; CIMMYT; Oakside Editorial Services. <https://repository.cimmyt.org/bitstream/handle/10883/19204/59133.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Pu'u, Y. M., & Mutiara, C. (2021). Invasive pest attacks *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in corn plant in ende district Flores, Indonesia. *Jurnal Entomologi Indonesia*, 18(2), 151–156. <https://doi.org/10.5994/jei.18.2>
- Sands, D. P. A., & Bakker, P. (1993). *Cotesia erionotae* (Wilkinson) (Hymenoptera :Braconidae), for Biological Control of Banana Skipper , *Erionota thrax* (L.) (Lepidoptera : Hesperidae) in Papua New Guinea origin , became established in Papua New Guinea (PNG) in 1983 . It subsequen. *Micronesica*, 4(1989), 99–105.
- Sartiami, D., Dadang, Harahap, I. S., Kusumah, Y. M., & 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(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/468/1/012021>
- Shylesha, A. N., Jalali, S. K., Gupta, A., Varshney, R., Venkatesan, T., Shetty, P., Ojha, R., Ganiger, P. C., Navik, O., Subaharan, K., Bakthavatsalam, N., Ballal, C. R., & A., R. (2018). Studies on new invasive pest *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) and its natural enemies. *Journal of Biological Control*, 32(3), 145–151. <https://doi.org/10.18311/jbc/2018/21707>
- Suby, S. B., Soujanya, P. L., Yadava, P., Patil, J., Subaharan, K., Prasad, G. S., Babu, K. S., Jat, S. L., Yathish, K. R., Vadassery, J., Kalia, V. K., Bakthavatsalam, N., Shekhar, J. C., & Rakshit, S. (2020). Invasion of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda*) in India: nature, distribution, management and potential impact. *Current Science*, 119(1), 44–51. <https://doi.org/10.18520/cs/v119/i1/44-51>

- Sun, X. Xu, Hu, C. Xing, Jia, H. Ru, Wu, Q. Lin, Shen, X. Jing, Zhao, S. Yuan, Jiang, Y. Ying, & Wu, K. ming. (2021). Case study on the first immigration of fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* invading into China. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(3), 664–672. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(19\)62839-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(19)62839-X)
- Supartha, I. W., Susila, I. W., Sunari, A. A. A. S., Mahaputra, I. G. F., Yudha, I. K. W., & Wiradana, P. A. (2021). Damage characteristics and distribution patterns of invasive pest, *Spodoptera frugiperda* (J.e smith) (Lepidoptera: Noctuidae) on maize crop in Bali, Indonesia. *Biodiversitas*, 22(6), 3378–3389. <https://doi.org/10.13057/BIODIV/D220645>
- Swamy, H. M. M., Asokan, R., Kalleshwaraswamy, C. M., Sharanabasappa, Prasad, Y. G., Maruthi, M. S., Shashank, P. R., Devi, N. I., Surakasula, A., Adarsha, S., Srinivas, A., Rao, S., Vidyasekhar, Raju, M. S., Reddy, G. S. S., & Nagesh, S. N. (2018). Prevalence of “R” strain and molecular diversity of fall army worm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) in India. *Indian Journal of Entomology*, 80(3), 544. <https://doi.org/10.5958/0974-8172.2018.00239.0>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Tendeng, E., Labou, B., Diatte, M., Djiba, S., & Diarra, K. (2019). The fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith), a new pest of maize in Africa: biology and first native natural enemies detected. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 13(2), 1011. <https://doi.org/10.4314/ijbcs.v13i2.35>
- Trisyono, Y., Suputa, S., Aryuwandari, V., Hartaman, M., & Jumari, J. (2019). Occurrence of heavy infestation by the fall armyworm *Spodoptera frugiperda*, a new alien invasive pest, in corn Lampung Indonesia. *Perlindungan Tanaman Indonesia*, 23, 156–160.
- Wan, J., Huang, C., Li, C. You, Zhou, H. Xu, Ren, Y. Lin, Li, Z. Yuan, Xing, L. Sheng, Zhang, B., Qiao, X., Liu, B., Liu, C. Hui, Xi, Y., Liu, W. Xue, Wang, W. Kai, Qian, W. Qiang, Mckirdy, S., & Wan, F. Hao. (2021). Biology, invasion and management of the agricultural invader: Fall armyworm, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Integrative Agriculture*, 20(3), 646–663. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63367-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63367-6)
- Wu, P., Wu, F., Fan, J., & Zhang, R. (2021). Potential economic impact of invasive fall armyworm on mainly affected crops in China. *Journal of Pest Science*, 94(4), 1065–1073. <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01336-9>
- Zhang, Q., Zhang, Y., Zhang, K., Liu, H., Gou, Y., & Li, C. (2024). Molecular Characterization Analysis and Adaptive Responses of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) to Nutritional and Enzymatic Variabilities in Various Maize Cultivars. *Plants*, 13(597), 1–19.
- Zhou, X. Yong, Wu, Q. Lin, Jia, H. Ru, & Wu, K. Ming. (2021). Searchlight trapping reveals seasonal cross-ocean migration of fall armyworm over the South China Sea. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(3), 673–684. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63588-2](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63588-2)