

ABSTRAK

KERAGAMAN GENETIK *Spodoptera frugiperda* PADA TANAMAN JAGUNG DI PROVINSI LAMPUNG

Oleh

ADRIYANA BUDIARTI

Jagung (*Zea mays*) adalah komoditas yang digunakan untuk memenuhi kebutuhan pangan dan pakan, namun produksi jagung di Indonesia belum dapat memenuhi kebutuhan dalam negeri. Hal ini salah satunya disebabkan oleh serangan hama. *Spodoptera frugiperda* merupakan hama yang menimbulkan kerusakan cukup besar pada pertanaman jagung. Hama ini dilaporkan mudah mengalami perubahan secara genetik. Aplikasi insektisida menjadi salah satu penyebab terjadinya mutasi gen pada beberapa serangga, termasuk *S. frugiperda*. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik *S. frugiperda* pada tanaman jagung di Provinsi Lampung. Penelitian ini dilakukan dengan cara mengekstraksi DNA sampel dengan metode buffer TNES. Amplifikasi PCR dengan menggunakan primer HCO 2198 dan LCO 1490. Hasil sekuensing kemudian dialignment menggunakan program Bioedit dan dibuat pohon filogenetiknya dengan program Mega 6 menggunakan metode *Unweighted-pair Group Method with Arithmetic means* (UPGMA). Variasi pada tingkat sekuen DNA diketahui dengan analisis menggunakan metode RFLP. Dari analisis kesamaan nukleotida hasil sekuensing diketahui bahwa susunan basa antar sampel dari beberapa daerah di Provinsi Lampung identik satu sama lain (*similarity* 100%). Hasil analisis sekuensing menggunakan pohon filogenetik terhadap sampel dari Kabupaten Pringsewu, Pesawaran, Lampung Selatan (Kotabaru) dan Lampung Timur (Metro Kibang) diketahui bahwa *bootstrap value* nya 99%. Pada saat analisis ini dilakukan, *S. frugiperda* baru masuk dan menyebar ke Provinsi Lampung, sehingga diduga dampak dari aplikasi insektisida yang beragam belum terlihat.

Kata kunci: Enzim restriksi; keragaman genetik; jagung (*Zea mays*); *Spodoptera frugiperda*

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY *Spodoptera frugiperda* IN CORN PLANT IN LAMPUNG PROVINCE

BY

ADRIYANA BUDIARTI

Corn (Zea mays) is a commodity that is used to meet food and feed needs, but corn production in Indonesia has not been able to meet domestic needs. This is one of the causes of pest attacks. Spodoptera frugiperda is a pest that causes considerable damage to maize crops. This pest is reported to be susceptible to genetic changes. The application of insecticides is one of the causes of gene mutations in several insects, including S. frugiperda. This study aims to determine the genetic diversity of S. frugiperda on maize in Lampung Province. This research was conducted by extracting DNA samples with the TNES buffer method. PCR amplification using primers HCO 2198 and LCO 1490. The results of the sequencing were then aligned using the Bioedit program and a phylogenetic tree was created using the Mega 6 program using the Unweighted-pair Group Method with Arithmetic means (UPGMA). Variations at the DNA sequence level were identified by analysis using the RFLP method. From the analysis of the nucleotide similarity of the sequencing results, it is known that the base arrangement between samples from several regions in Lampung Province is identical to each other (100% similarity). The results of the sequencing analysis using phylogenetic trees on samples from Pringsewu, Pesawaran, South Lampung (Kotabaru) and East Lampung (Metro Kibang) districts showed that the bootstrap value was 99%. At the time this analysis was carried out, S. frugiperda had just entered and spread to Lampung Province, so the impact of various insecticide applications has not been seen.

Keywords: *Restriction enzymes; Genetic diversity; corn (Zea mays); Spodoptera frugiperda*