



Identifikasi *Thrips alliorum* (Priesner), *Thrips hawaiiensis* (Morgan), dan *Thrips parvispinus* (Karny) berdasarkan variasi DNA COI mitokondria

Identification of *Thrips alliorum* (Priesner), *Thrips hawaiiensis* (Morgan), and *Thrips parvispinus* (Karny) based on variation of mitochondrial COI DNA gene

Nia Kurniawaty, Purnama Hidayat*, Aunu Rauf

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

(diterima Maret 2016, disetujui Maret 2017)

ABSTRAK

Genus *Thrips* adalah genus kedua terbesar Ordo Thysanoptera yang sebagian besar anggotanya bersifat polifag dan beberapa spesies merupakan hama serius pada tanaman sayuran. Kerusakan yang ditimbulkan oleh trips dapat menyebabkan kehilangan hasil 30–50%. *Thrips alliorum* (Priesner), *T. hawaiiensis* (Morgan), dan *T. parvispinus* (Karny) banyak dilaporkan menjadi hama pada pertanaman terutama pertanaman hortikultura. Penggunaan karakter molekuler, seperti runutan DNA fragmen gen *Cytochrome Oxydase I* mitokondria (mtCOI) dapat digunakan untuk identifikasi spesies atau konfirmasi hasil identifikasi dengan menggunakan karakter morfologi. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* berdasarkan runutan DNA fragmen gen mtCOI. Identifikasi molekuler dilakukan melalui tiga tahap, yaitu koleksi sampel dan isolasi DNA, amplifikasi DNA menggunakan *polimerase chain reaction* (PCR), dan analisis hasil runutan DNA. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa runutan DNA fragmen mtCOI *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* memiliki panjang basa 678, 690, dan 668 pb yang didominasi oleh basa A dan T dengan nilai variasi nukleotida sebesar 25,18%. Identifikasi tiga spesies trips *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* berdasarkan runutan DNA fragmen mtCOI menunjukkan hasil yang sama dengan identifikasi berdasarkan karakter morfologi.

Kata kunci: COI, hama, mitokondria, sekuen, taksonomi

ABSTRACT

Thrips is the second largest genus on the order of Thysanoptera, most of them are polyphagous and some species are serious pests on vegetables. The damages caused by thrips can reach 30–50% yield loss. *Thrips alliorum* (Priesner), *T. hawaiiensis* (Morgan), and *T. parvispinus* (Karny) are widely reported as pests on crops, especially on horticulture. This study aimed to identify three thrips species: *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, and *T. parvispinus* based on the DNA sequences of mtCOI gene fragment. Thrips samples were collected from Bandung, Bogor, Cianjur, and Kuningan districts. Three steps, they were sample collection and DNA total extraction, amplification by using PCR and DNA sequence analysis. The PCR successfully amplified DNA of mtCOI gene fragments of *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, and *T. parvispinus* at 678, 690, and 668 bp respectively. The mtCOI DNA sequences were dominated by A and T bases with the nucleotide variation value of 25.18%. Identification of the three thrips species: *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, and *T. parvispinus* based on molecular characters using mtCOI DNA sequences confirmed the identification result based on the morphological characters.

Key words: COI, mitochondrial, pest, sequence, taxonomy

*Penulis korespondensi: Purnama Hidayat. Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor, Jalan Kamper, Kampus IPB Dramaga, Bogor 16680, Tel/Faks: 0251-8629364, Email: phidayat@apps.ipb.ac.id.

PENDAHULUAN

Sayuran dan tanaman hortikultura banyak dilaporkan mengalami kerusakan akibat serangan trips, misalnya pada cabai, bawang merah, dan kentang. Di India, serangan trips dapat menyebabkan kehilangan hasil sebesar 30–50% dan di Malaysia dapat mencapai 80% (Fauziah & Saharan 1991; Subagyo 2014; Sastrosiswojo 1991), sedangkan kerusakan yang disebabkan oleh *Thrips parvispinus* (Karny) pada kacang panjang (*Phaseolus vulgaris*) di Jambi (Indonesia) dilaporkan mencapai 81,6% (Johari & Muswita 2014).

Genus *Thrips* adalah genus kedua terbesar dari Ordo Thysanoptera, terdiri atas 286 spesies (Mound 2012). Hasil identifikasi trips telah dipublikasi dari berbagai lokasi di dunia. Beberapa diantaranya publikasi tentang identifikasi trips di Amerika, seperti dari California (Bailey 1957), Illinois (Stannard 1968), Amerika utara (Nakahara 1994; Hoddle et al. 2009). Kunci identifikasi trips yang tersedia lainnya, seperti di Eropa (Dyadechko 1977), Korea (Woo 1974), India (Bhatti 1980), Asia dan Australasia (Palmer 1992), Iran (Minei 2007), Brazil (Mound et al. 2010). Sebagian besar anggota dari genus ini hidup pada bunga dan daun (Mound & Marullo 1996). Beberapa anggota dari genus ini merupakan hama penting pada tanaman, seperti *T. angusticeps* Uzel, *T. flavus* Schrank, *T. hawaiiensis* (Morgan), *T. meridionalis* Priesner, *T. tabaci* Lindeman (Moritz 1994). *T. hawaiiensis* dilaporkan banyak menyerang tanaman pare dan okra. Selain itu, *T. parvispinus* yang menjadi hama baru yang menyerang pepaya di Malaysia (Fauziah & Saharan 1991). Sementara itu, di Indonesia *T. parvispinus*, *T. hawaiiensis*, dan *T. palmi* Karny spesies dilaporkan sebagai hama umum dipertanaman hortikultura (Subagyo 2014). Beberapa spesies trips juga dilaporkan sebagai vektor virus. *T. palmi* dapat menularkan penyakit *Groundnut bud necrosis*, sementara *T. tabaci* Lindeman menularkan penyakit *Tospovirus* (Kardivel et al. 2013; Fauziah & Saharan 1991).

Proses identifikasi yang dilakukan merupakan hal yang penting dalam rangka pengendalian hama terpadu, namun proses ini tidak mudah untuk dilakukan terutama untuk genus dengan jumlah spesies yang banyak (Hasmiwati et al. 2006). Kesulitan yang dialami dalam identifikasi terhadap

trips adalah ukuran yang kecil, karakter-karakter yang sulit terlihat, dan variasi seksual dimorfisme dalam spesies yang dapat menyebabkan kesalahan identifikasi (Mound & Kibby 1998). Identifikasi terhadap trips di Indonesia umumnya dilakukan berdasarkan karakter morfologi termasuk yang dipublikasikan oleh Sartiami & Mound (2013) dan Subagyo (2014) dengan menggunakan kunci identifikasi dikotom sehingga perlu adanya karakter tambahan untuk melengkapi data morfologi yang telah ada.

Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* melalui urutan nukleotida berdasarkan karakter DNA mtCOI. Manfaat dari hasil penelitian ini berupa karakteristik molekular, yaitu urutan nukleotida dari *T. alliorum* (Priesner), *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus*. Hasil ini diharapkan dapat melengkapi data hasil identifikasi spesies trips untuk menyusun strategi pengelolaan serangga hama secara cepat, tepat, dan lebih baik

BAHAN DAN METODE

Hasil identifikasi 3 spesies trips secara morfologi, yaitu *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* (Tabel 1) akan dibandingkan dengan hasil identifikasi secara molekuler. Pelaksanaan ekstraksi DNA dan *polymerase chain reaction* (PCR) dilakukan di Laboratorium Virologi, Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor pada bulan September 2014–Agustus 2015.

Koleksi sampel dan isolasi DNA

Koleksi spesimen dilakukan secara langsung dengan mengambil trips pada bunga dan daun tanaman yang bergejala akibat serangan trips. Kemudian, sampel disortir menggunakan kuas halus dan dimasukkan ke dalam tabung mikro berisi alkohol 96%, dimasukkan ke dalam plastik klip yang diberi keterangan tanggal pengambilan sampel, jenis tanaman, dan lokasi pengambilan sampel.

Isolasi DNA dan amplifikasi PCR imago spesies yang teridentifikasi secara morfologi kemudian diekstraksi DNA menggunakan metode Goodwin et al. (1994) yang telah dimodifikasi.

Tabel 1. Inang dan lokasi *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus*

Spesies	Tanaman inang	Lokasi
		Desa/ Kecamatan/ Kabupaten
<i>Thrips alliorum</i>	Bawang daun*	Cipanas/ Cipanas/ Cianjur
<i>T. hawaiiensis</i>	Pepaya*	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan Babakan doneng / Dramaga/ Bogor Cikarawang/ Dramaga/ Bogor Cibadoneng/ Dramaga/ Bogor Cilimus/ Cilimus/ Kuningan
	Bengkoang	Balithi/ Cipanas/ Cianjur Sukajadi/ Tamansari/ Bogor
	Mawar	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan Cisantana/ Cigugur/ Kuningan Cisantana/ Cigugur/ Kuningan
<i>T. parvispinus</i>	Cabai	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan
	Tomat	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan
	Terong	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan
	Buncis	Cisantana/ Cigugur/ Kuningan Ciputri/ Lembang/ Bandung barat Sukajadi/ Tamansari/ Bogor Ciareteun/ Leuwiliang/ Bogor
	Kacang panjang	Sukajadi/ Tamansari/ Bogor
	Mentimun*	Ciputri/ Lembang/ Bandung Marga mekar/ Pangalengan/ Bandung
	Wortel	Cipanas/ Cipanas/ Cianjur
	Kailan	Cipanas/ Cipanas/ Cianjur
	Takokak	Sukajadi/ Tamansari/ Bogor
	Mawar	TBN/ Cipanas/ Cianjur
	Salvia	TBN/ Cipanas/ Cianjur

*asal tanaman inang spesimen trips yang diidentifikasi secara molekuler.

Satu individu imago dimasukkan ke dalam tabung mikro, kemudian ditambahkan 100 µl bufer ekstraksi CTAB (CTAB 2%, 1,4 M NaCl, 100 mM Tris-HCl, 20 mM EDTA, dan PVP 1% (-40 °C)). Selanjutnya, ditambahkan 1 µl proteinase K, kemudian serangga digerus menggunakan mikro pistil, divorteks, dan diinkubasi dalam *waterbath* 65 °C selama 3 menit. Setelah itu, tabung ditambahkan 100 µl CI (kloroform : isoamil alkohol) dengan perbandingan 24 : 1. Tabung kemudian divorteks selama 3 menit, dan disentrifugasi pada 10.000 rpm selama 15 menit. Supernatan yang terbentuk dipindahkan ke dalam tabung mikro baru (60 µl). Kemudian, ditambahkan 3 M NaOAc (pH 5,2) sebanyak 1/10 dari volume total supernatan. Isopropanol ditambahkan sebanyak 2/3 dari volume total supernatan, kemudian inkubasi pada suhu -20 °C selama satu malam. Selanjutnya, tabung disentrifugasi pada 10.000 rpm selama 10 menit dan supernatan dibuang. Pelet yang diperoleh kemudian dicuci dengan 100 µl etanol 80% (dingin) dan disentrifugasi kembali

pada 8000 rpm selama 5 menit. Tahapan akhir, supernatan dibuang dan pelet dikeringanginkan kurang lebih selama 1 jam kemudian diberi larutan 20 µl TE dan disimpan pada suhu -20 °C sampai digunakan selanjutnya.

Amplifikasi DNA

Pembuatan reaktan PCR dilakukan dengan volume total 25 µl, terdiri atas 12,5 µl *Go Tag Green Master Mix* (Promega, US), 9,5 µl ddH₂O. Amplifikasi DNA fragmen mtCOI dilakukan dengan menggunakan sepasang primer-primer universal mtCOI LCO 1490 (3'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-5') dan HCO 2198 (5'TAAACTTCA GGGTGACCA AAAAATCA-3') (Folmer et al. 1994) masing-masing 1 µl, dan 1 µl DNA template. Reaksi PCR dilakukan dengan Perkin Elmer 480 Thermocycler (Applied Biosystem, US). Reaksi PCR dimulai dengan denaturasi inisiasi selama 5 menit pada 94 °C, PCR dilanjutkan dengan 35 siklus dengan urutan sebagai berikut: 94 °C 1 menit, 52 °C 35

detik, 72 °C 1 menit 30 detik, dan pemanjangan akhir 72 °C 7 menit. Hasil PCR kemudian dianalisis dalam gel agarosa 1%. Pengamatan DNA fragmen mtCOI divisualisasikan menggunakan UV *transilluminator* setelah direndam dalam larutan etidium bromida 2% selama 15 menit, dan dipotret dengan kamera digital.

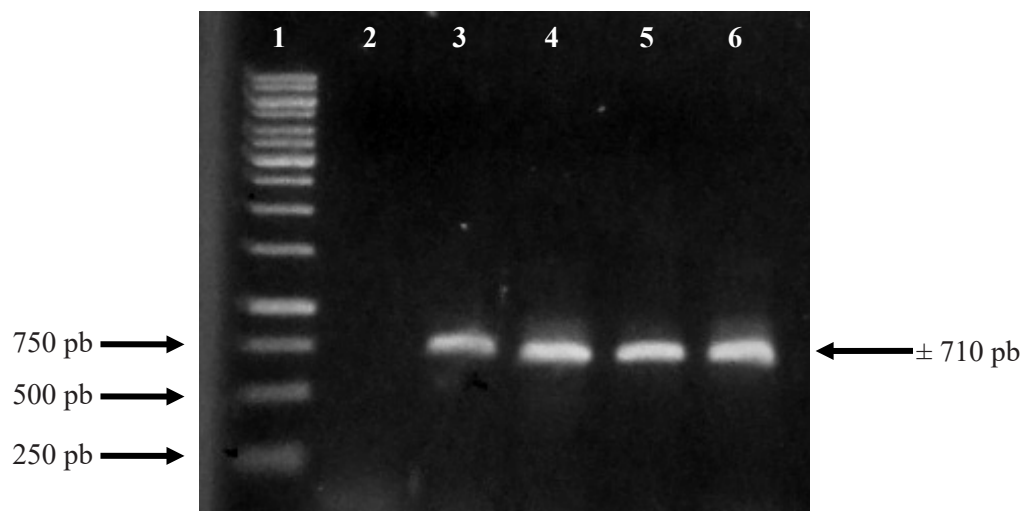
Analisis hasil runutan DNA

Hasil amplifikasi dengan teknik PCR berupa DNA fragmen mtCOI dengan ukuran $\pm$ 710 pasang basa (pb), yang dilakukan di PT. 1st Base, Malaysia. Hasil runutan DNA fragmen mtCOI dianalisis dengan perangkat lunak Bioedit versi 7.0.9.0. Runutan DNA tersebut kemudian dianalisis kemiripannya dengan runutan DNA yang ada di situs National Centre Biotechnology Information (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) melalui program BLAST. Homologi runutan DNA fragmen mtCOI trips terhadap trips lainnya yang terdeposit dalam NCBI dianalisis menggunakan program *ClustalW* BioEdit. Filogenetika berdasarkan runutan DNA dibuat dengan bantuan perangkat lunak *Molecular Evolutionary Genetic Analysis* (MEGA 6) menggunakan UPGMA dengan *bootstrap* sebanyak 1000 kali.

HASIL

Sampel yang sebelumnya telah diidentifikasi secara morfologi kemudian diidentifikasi dengan metode molekular. Secara molekular primer *forward* dan *reverse* mampu mengamplifikasi DNA fragmen gen mtCOI dengan baik, terlihat pita DNA kolom 1 sampai 3 merupakan hasil amplifikasi DNA fragmen gen mtCOI dari trips. Pita yang terlihat sesuai dengan target yang diinginkan, yaitu berukuran sekitar 710 pb (Gambar 1).

Berdasarkan hasil analisis runutan DNA fragmen gen mtCOI, ketiga spesies trips yang diteliti memiliki panjang runutan DNA berbeda. Hal ini karena ketiga sampel berada pada tingkat taksonomi yang berbeda pada tingkat spesies (Tabel 2). Hasil penjajaran runutan DNA menunjukkan nilai homologi sampel sebesar 93–100% dengan spesies yang berada pada *GenBank* (Tabel 3). Runutan DNA fragmen gen mtCOI yang berhasil disejajarkan terlihat adanya perbedaan di beberapa titik pada urutan basa nukleotida pada masing-masing spesies. Hal tersebut merupakan variasi runutan DNA fragmen mtCOI pada masing-masing sampel. Ketiga spesies memiliki 379 daerah lestari dengan 100 nukleotida yang



Gambar 1. Hasil visuslisasi DNA trips menggunakan primer universal. 1: marker (1kb Thermo Scientific, US); 2: kontrol negatif; 3: kontrol positif (*Thrips parvispinus*); 4: *T. alliorum*; 5: *T. hawaiiensis*; dan 6: *T. parvispinus*.

Tabel 2. Karakter DNA fragmen mtCOI trips *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus*

Karakter	Runutan DNA fragmen gen mtCOI		
	<i>T. alliorum</i>	<i>T. hawaiiensis</i>	<i>T. parvispinus</i>
Panjang DNA (pb)	678	690	668
Kandungan AT (%)	70,35	71,01	70,81

bervariasi sehingga variasi nukleotida pada ketiga spesies trips yang diteliti sebesar 25,18% (Tabel 4).

Berdasarkan runutan DNA fragmen gen mtCOI *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* dapat dianalisis jarak genetik dan dibuat konstruksi filogeninya. Nilai jarak genetik yang tinggi menunjukkan tingkat kekerabatan yang semakin jauh. Berdasarkan runutan DNA fragmen gen mtCOI *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* memiliki jarak genetik antar spesies sebesar 20,1% pada *T. hawaiiensis* dan *T. parvispinus*. Jarak genetik inter spesies *T. alliorum*

sebesar 0,0%, *T. hawaiiensis* sebesar 6,3–6,9%, *T. parvispinus* sebesar 2,4–3,6% (Tabel 5).

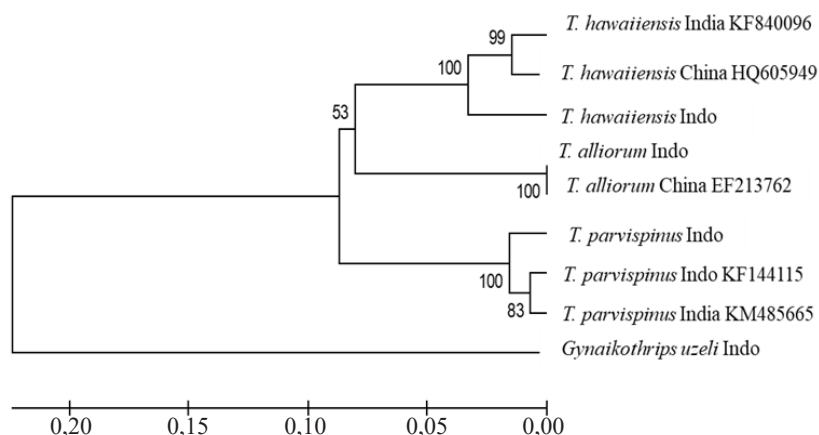
Hasil konstruksi filogeni berdasarkan runutan DNA fragmen gen mtCOI memperlihatkan pengelompokkan yang terpisah antara taksa *in-group* (*T. alliorum*, *T. hawaiiensis* dan *T. parvispinus*) dan taksa *out-group*, yaitu *Gynaikothrips uzeli* (Gambar 2). Pohon filogenetika menunjukkan sinyal yang baik, yaitu ketiga kelompok besar trips terpisah sesuai dengan spesies.

Tabel 3. Homologi (kemiripan) runutan DNA fragmen gen mtCOI trips *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* hasil penelitian, menggunakan program BLAST (www.ncbi.nlm.nih.gov)

Runutan DNA fragmen gen mtCOI	Persen kemiripan	Query discovery	Max/total score
<i>Thrips alliorum</i> Indo vs. <i>T. alliorum</i> China EF213762	100	62	784/784
<i>T. hawaiiensis</i> Indo vs. <i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	93	85	859/859
<i>T. hawaiiensis</i> Indo vs. <i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	93	85	856/856
<i>T. parvispinus</i> Indo vs. <i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	98	99	1142/1142
<i>T. hawaiiensis</i> Indo vs. <i>T. parvispinus</i> India KM485665	96	99	1090/1090

Tabel 5. Jarak genetik runutan DNA fragmen mtCOI trips *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* hasil penelitian dengan data yang tersedia di *GenBank*

Sampel	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]
<i>Thrips alliorum</i> Indo									
<i>T. alliorum</i> China EF213762	0,000								
<i>T. hawaiiensis</i> Indo	0,164	0,164							
<i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	0,167	0,167	0,069						
<i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	0,150	0,150	0,063	0,029					
<i>T. parvispinus</i> Indo	0,184	0,184	0,198	0,201	0,188				
<i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	0,161	0,161	0,174	0,177	0,164	0,024			
<i>T. parvispinus</i> India KM485665	0,157	0,157	0,163	0,173	0,161	0,038	0,013		
<i>Gynaikothrips uzeli</i> Indo	0,414	0,414	0,465	0,491	0,471	0,460	0,439	0,425	



Gambar 2. Pohon filogenetika trips *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* berdasarkan runutan DNA fragmen mtCOI menggunakan perangkat lunak MEGA 6 dengan pendekatan UPGMA (*bootstrap* 1000 kali).

Tabel 4. Variasi runutan DNA fragmen gen mtCOI trips *Thrips alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus*

Sampel	Nukleotida ke-																														
	5	12	15	24	31	33	36	39	42	43	47	48	49	51	52	64	66	68	78	82	84	87	102	105	111	120	126	130	132	137	138
<i>Thrips alliorum</i> Indo	G	T	T	T	C	T	A	T	T	C	G	T	T	A	C	T	A	G	A	G	A	A	A	C	C	A	C	T	T	T	T
<i>T. alliorum</i> China EF213762	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>T. hawaiiensis</i> Indo	.	C	.	.	.	A	C	A	A	T	C	A	C	T	T	.	G	T	.	.	T	.	.	.	T	T	T	.	A	A	C
<i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	.	C	.	C	T	A	.	A	A	T	C	A	C	T	T	C	T	T	.	.	.	G	.	T	T	T	T	.	A	A	C
<i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	.	C	.	C	.	A	.	A	A	T	C	A	C	.	T	C	T	T	.	.	.	.	.	T	T	C	T	.	A	A	.
<i>T. parvispinus</i> Indo	C	C	C	.	T	A	T	A	A	T	T	C	.	.	T	.	.	T	G	A	.	.	T	T	.	.	T	G	A	.	A
<i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	.	C	C	.	T	A	T	A	A	T	T	.	.	.	T	.	.	T	G	.	.	.	T	T	.	.	T	G	A	.	A
<i>T. parvispinus</i> India KM485665	.	C	C	.	T	A	T	A	A	T	T	.	.	.	T	.	.	T	.	.	.	.	T	T	.	.	T	G	A	.	A
Sampel	Nukleotida ke-																														
	141	144	147	148	153	156	159	162	163	165	168	169	177	186	190	198	199	207	210	213	216	219	220	222	233	234	235	236	239	241	242
<i>T. alliorum</i> Indo	C	T	T	T	A	T	T	T	C	T	C	T	T	A	T	T	C	C	T	G	T	T	A	A	A	G	A	A	G	T	T
<i>T. alliorum</i> China EF213762	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>T. hawaiiensis</i> Indo	A	A	.	.	.	.	.	G	.	.	T	C	.	T	.	A	T	T	.	C	A	C	.	T	G	C	C	.	A	A	A
<i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	.	A	.	C	.	.	.	C	.	.	T	.	.	T	.	A	.	T	C	T	A	.	.	T	G	C	C	.	A	A	A
<i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	T	A	.	.	.	.	.	C	.	.	T	.	.	T	.	A	.	T	C	T	A	.	.	T	G	C	.	.	A	A	A
<i>T. parvispinus</i> Indo	A	A	A	.	T	C	C	.	.	A	.	.	A	C	C	A	T	T	.	A	.	.	C	.	.	A	T	G	A	.	A
<i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	A	A	C	.	T	C	C	.	.	A	.	.	A	T	C	A	T	T	.	A	.	.	C	.	.	A	T	G	A	.	A
<i>T. parvispinus</i> India KM485665	A	A	C	.	T	C	C	.	T	A	.	.	A	T	C	A	T	T	.	A	.	.	C	.	.	A	T	G	A	.	A
Sampel	Nukleotida ke-																														
	244	245	248	249	258	259	263	264	272	277	282	283	285	286	294	297	298	299	300	301	302	303	304	306	312	313	315	327	333	336	339
<i>T. alliorum</i> Indo	A	T	G	C	T	A	T	T	T	T	A	A	A	T	C	T	C	T	A	T	T	A	T	A	T	T	A	A	T	C	T
<i>T. alliorum</i> China EF213762	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>T. hawaiiensis</i> Indo	C	.	A	.	.	T	A	.	C	.	T	.	.	.	A	.	.	.	.	C	.	T	C	T	.	C	.	.	.	T	A
<i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	T	.	A	.	.	T	A	C	.	.	T	.	.	C	A	.	T	.	.	C	.	T	C	T	A	.	.	.	.	T	.
<i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	T	.	A	.	.	T	A	.	.	.	T	.	.	.	A	.	T	.	G	C	.	T	C	T	A	C	.	.	.	T	.
<i>T. parvispinus</i> Indo	.	C	A	T	C	.	.	.	.	C	.	T	T	.	A	C	T	C	.	.	C	.	.	.	A	C	T	C	C	T	.
<i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	.	C	A	T	C	.	.	.	.	.	.	T	T	.	A	C	T	.	.	.	.	.	.	.	A	C	T	C	C	T	.
<i>T. parvispinus</i> India KM485665	.	C	A	T	C	.	.	.	.	.	.	T	T	.	A	.	T	.	.	.	.	.	.	.	A	C	T	C	C	T	A
Sampel	Nukleotida ke-																														
	363	367	370	373	379	385	394																								
<i>T. alliorum</i> Indo	T	C	G	T	C	C	A																								
<i>T. alliorum</i> China EF213762	.	.	.	.	.	.	.																								
<i>T. hawaiiensis</i> Indo	.	T	T	.	T	T	T																								
<i>T. hawaiiensis</i> India KF840096	.	.	T	.	T	A	T																								
<i>T. hawaiiensis</i> China HQ605949	.	.	T	.	T	A	T																								
<i>T. parvispinus</i> Indo	C	.	A	A	T	T	.																								
<i>T. parvispinus</i> Indo KF144115	.	.	A	A	T	T	.																								
<i>T. parvispinus</i> India KM485665	.	.	A	.	T	T	.																								

PEMBAHASAN

T. alliorum, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* merupakan trips yang banyak dilaporkan menjadi hama serius dipertanaman dengan sebaran dan inang yang luas. Di Jawa, *T. alliorum* dilaporkan menyerang tanaman bawang (Sartiami 2013 & Mound). Selain itu, *T. parvispinus* juga merupakan spesies yang menjadi hama serius pada pertanaman cabai dan tembakau di Indonesia. Kehilangan hasil akibat serangan dapat mencapai 30–50% (Sastrosiswojo 1991). Sementara itu, *T. hawaiiensis* dilaporkan sebagai hama umum di Taiwan yang menyerang bunga pada tanaman pertanian dan bunga potong. *T. hawaiiensis* juga menyerang 22 tanaman, termasuk menyebabkan kerusakan pada bunga pisang. Daerah persebaran spesies ini, antara lain Asia tenggara, sebagian Afrika, Austrasia, dan di Kepulauan Pasifik (Chang 1991; Mound & Kibby 1998).

Penggunaan runutan DNA fragmen gen mtCOI dalam proses identifikasi secara molekular berhasil mengidentifikasi ketiga spesies trips, hal ini disebabkan karena gen tersebut bersifat lestari (Herbert et al. 2003). Berdasarkan hasil penelitian diperoleh jumlah nukleotida yang lestari ketiga spesies adalah 397 pb dan variasi nukleotida sebesar 25,18% atau 100 pb (Tabel 5). Tingginya nilai variasi ini dikarenakan sampel berada ditingkat spesies yang berbeda. Hal ini juga ditemukan pada spesies di dalam genus *Diadegma* (Hymenoptera: Ichneumonidae) (Wagener et al. 2006). Menurut Avise (1987) tingginya nilai variasi runutan DNA dapat disebabkan oleh adanya isolasi geografi dan arus genetik yang berkontribusi dalam pembentukan perbedaan struktur intraspesies serta aliran gen sehingga terbentuknya pola runutan DNA baru.

Konstruksi pohon filogenetika dengan *out-group* menunjukkan bahwa terjadi pemisahan secara jelas antara ketiga spesies trips. Oleh karena itu, penelitian ini berhasil membuktikan bahwa terjadi suatu pemisahan secara jelas antara ketiga spesies berdasarkan konstruksi pohon filogenetika tersebut. Penelitian ini juga berhasil menunjukkan keterkaitan antara karakterissi morfologi dan molekular yang saling mendukung. Hal ini sesuai dengan hasil penelitian Karimi et al. (2010) yang menggunakan DNA mtCOI untuk

mengidentifikasi beberapa spesies trips. Crespi et al. (1998) menyatakan data dari karakter morfologi imago tidak berbeda nyata dengan identifikasi menggunakan runutan DNA fragmen gen mtCOI. Karimi et al. (2010) menambahkan data runutan DNA fragmen gen mtCOI juga merupakan data pelengkap dari data biologi dan karakter morfologi pada serangga. Oleh karena itu, karakter molekular runutan DNA fragmen mtCOI dapat menguatkan dan melengkapi karakter morfologi dalam identifikasi spesies trips *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* yang telah ada.

KESIMPULAN

Runutan DNA fragmen mtCOI tiga spesies trips, yaitu *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* memiliki panjang basa 678, 690, dan 668 pb dengan nilai variasi nukleotida sebesar 25,18%. Hasil identifikasi tiga spesies trips *T. alliorum*, *T. hawaiiensis*, dan *T. parvispinus* dengan menggunakan karakter molekular berupa runutan DNA fragmen mtCOI menunjukkan hasil yang sama dengan hasil identifikasi menggunakan karakter morfologi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh program BOPTN 319/ IT3.41.2/ I2/ SPK/ 2013.

DAFTAR PUSTAKA

- Avise JC, Arnold J, Ball MR, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial bridge between population genetics and systematic. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18:489–522. doi: <https://doi.org/10.1146/annurev.es.18.110187.002421>.
- Bailey SF. 1957. The thrips of California Part I: Suborder Terebrantia. *Bulletin of California Insect Survey* 4:143–220.
- Bhatti JS. 1980. Species of the genus *Thrips* from India. *Systematic Entomology* 5:109–166. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.1980.tb00404.x>.
- Chang NT. 1991. Thrips on vegetables in Taiwan. In: Talekar NS (Ed.) *Thrips in Southeast Asia. Proceeding of Regional Consultation Workshop*

- (Bangkok, 13 Maret 1991). pp. 40–56. Taipei: Asian Vegetable Research and Development Center Publication.
- Crespi BJ, Carmean DA, Mound LA, Worobey M, Morris D. 1998. Phylogenetics of social behaviour in Australian gall-forming thrips: evidence from mitochondrial DNA sequence, adult morphology, behaviour, and gall morphology. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 9:163–180. doi: <https://doi.org/10.1006/mpev.1997.0449>.
- Dyadechko NP. 1977. *Thrips or Fringe-winged Insects (Thysanoptera) of the European Part of The USSR*. New Delhi: Amerind Publishing Company.
- Fauziah I, Saharan HA. 1991. Thrips on vegetables in Malaysia. In: Talekar NS (Ed.) *Thrips in Southeast Asia. Proceeding of Regional Consultation Workshop (Bangkok, 13 Maret 1991)*. pp. 29–33. Taipei: Asian Vegetable Research and Development Center Publication.
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome *c* oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3:294–299.
- Goodwin DH, Xue BG, Kuske CR, Sears MK. 1994. Amplification of plasmid DNA to detect plant pathogenic-mycoplasma like organism. *Annals of Applied Biology* 36:124–127. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1994.tb04112.x>.
- Hasmiwati, Sujadi FA, Situmorang J. 2006. Analisis genetik *Anopheles balabacensis* Baisas (Diptera: Culicidae) dari daerah Bangko (Jambi) dan Purworejo (Jawa Tengah) dengan Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) PCR. *Majalah Kedokteran Andalas* 30:70–79.
- Hebert PDN, Ratnasingham S, Dewaard JR. 2003. Barcoding animal life: Cytochrome Oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceeding Royal Society Publishing* 270:96–99.
- Hoddle MS, Mound LA, Paris D. 2012. Thrips of California 2012. Available at: http://keys.lucidcentral.org/keys/v3/thrips_of_california/Thrips_of_California.html. [accessed 12 Juli 2014].
- Johari A, Muswita. 2014. *Kelimpahan dan Fenomena Serangan Thrips palmi Karny (Thysanoptera: Thripidae) Sebagai Hama dan Vektor Virus di Pertanian Sayuran Wilayah Jambi*. Laporan penelitian fundamental. Tersedia di: http://www.e-campus.fkip.unja.ac.id/data/repository/dosen/RPS_32_0100008183_09628a968f_201625572548000000.pdf. [diakses 16 Maret 2017].
- Kardivel P, Srinivasan R, Yun-che Su, Fu-Cheng Su, Pena dela R. 2013. Application cytochrome oxidase I sequences for filogenetic analysis and identification of Thrips species occurring on vegetable crops. *Economic Entomology* 106: 408–418. doi: <https://doi.org/10.1603/EC12119>.
- Karimi J, Kakhki-Hassani M, Awal MM. 2010. Identifying thrips (Insecta: Thysanoptera) using DNA Barcodes. *Cell and Molecular Research* 2: 35–41.
- Minei K. 2012. First report of an endemic Australian thrips, *Thrips australis* (Thysanoptera: Thripidae) on Eucalyptus in Shiraz, Iran. *Entomological and Acarological Research* 44:42–45. doi: <https://doi.org/10.4081/jear.2012.e9>.
- Moritz G. 1994. Pictorial key to the economically important species of Thysanoptera in Central Europe. *EPPO Bulletin* 24:181–208. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2338.1994.tb01060.x>.
- Mound LA, Kibby G. 1998. *Thysanoptera An Identification Guide*. 2nd ed. Canberra: CSIRO Entomology.
- Mound LA, Marullo R. 1996. The thrips of Central and South America: an introduction. *Memoirs on Entomology International* 6:1–488.
- Mound LA, Wheeler GS, Williams DA. 2010. Resolving cryptic species with morphology and DNA; thrips as potential biocontrol agent of Brazilian peppertree, with a new species and overview of Pseudophilothrips. *Zootaxa* 2432: 59–68.
- Mound LA. 2012. Thysanoptera (Thrips) of the World-a checklist. Available at: <http://www.ento.csiro.au/thysanoptera/worldthrips.html>. [accessed 13 Juli 2014].
- Nakahara S. 1994. The genus *Thrips* Linnaeus (Thysanoptera, Thripidae) of the New World. *Technical Bulletin - United States Department of Agriculture* 1822:1–183.
- Palmer JM. 1992. *Thrips* from Pakistan to the Pacific: a review. *Bulletin of the British Museum* 61:1–76.
- Sartiami D, Mound LA. 2013. Identification of the terebrantian thrips (Insecta, Thysanoptera) associated with cultivated plants in Java, Indonesia. *Zookeys* 306:1–21. doi: <https://doi.org/10.3897/zookeys.306.5455>.
- Sastrosiswojo S. 1991. Thrips on vegetables in Indonesia. In: Talekar NS (Ed.) *Thrips in Southeast Asia. Proceeding of Regional Consultation Workshop (Bangkok, 13 Maret 1991)*. pp. 12–15. Taipei: Asian Vegetable Research and Development Center Publication.
- Stannard LJ. 1968. The thrips, or Thysanoptera, of Illinois. *Bulletin of the Illinois Natural History Survey* 29:213–552.

- Subagyo VNO. 2014. *Identifikasi Thrips (Insecta: Thysanoptera) yang Berasosiasi dengan Tanaman Hortikultura di Bogor, Cianjur, dan Lembang*. Tesis. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Wagener B, Reineke A, Lohr B, Zebitz PW. 2006. Phylogenetics study of *Diadegma* (Hymenoptera: Ichneumonidae) inferred from analysis of mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Biological Control* 37:131–140. doi: <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2006.01.004>.
- Woo KS. 1974. Thysanoptera of Korea. *Korean Journal of Entomology* 4:1–90.