

# Struktur Populasi *Trichogrammatoidea armigera*, Parasitoid Telur *Helicoverpa armigera*, Berdasarkan Analisis RAPD-PCR

Bahagiawati<sup>1</sup>, Damayanti Buchari<sup>2</sup>, Nurindah<sup>3</sup>, H. Rizjaani<sup>1</sup>, Dwinita W. Utami<sup>1</sup>, B. Sahari<sup>2</sup>, dan A. Sari<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian, Jalan Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111

<sup>2</sup>Jurusan Hama dan Penyakit Tanaman, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Dramaga, Bogor

<sup>3</sup>Balai Penelitian Tanaman Tembakau dan Serat, Jalan Raya Karangploso, Kotak Pos 199 Malang 65152

## ABSTRACT

**Population Structure of *Trichogrammatoidea armigera*, Egg Parasitoid of *Helicoverpa armigera* Based on RAPD-PCR Analysis.** Bahagiawati, Damayanti Buchari, Nurindah, H. Rizjaani, Dwinita W. Utami, B. Sahari, and A. Sari. Genetic structures of *Trichogrammatoidea armigera* (Hymenoptera: Trichogrammatidae), the egg parasitoid of *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) were studied. Egg masses of *H. armigera* were collected from fields of several locations in West Java and East Java with different distances among them and two distinct cultural practices, i.e., monoculture and polyculture. Genetic relationships among *T. armigera* populations that emerged from the collected *H. armigera* eggs were analysed by the RAPD-PCR technique using four oligonucleotide primers. The four primers revealed 55 presumptive polymorphic loci that were used to estimate the population structures. The estimated values of Fixation Index (Fst) was 0.16, indicating that there was a division of the populations into subpopulations. This Fst value implied the present of reproductive isolation among the populations that might be due to their low migration rate (1.3 insect per generation). This low migration rate indicated the present of low level of gene flow among the populations. A dendrogram resulted from the NTSYS analysis indicated that the West Java and East Java populations of the egg parasitoid had quite wide genetic distances, while within each of the populations there was a subdivision of minor populations. This finding has an important implication on the program to release *Trichogramma* spp. as a biological control agent. The release of the parasitoid cannot be done randomly, because if we pick up a minor population, the starter or the released population will mate with the local population and multiply, thus the inundation will fail to control the target pest.

**Key words:** *Trichogrammatoidea armigera*, egg parasitoid, *Helicoverpa armigera*, population structure.

## PENDAHULUAN

*Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) merupakan salah satu hama penting yang menyerang tanaman kapas di Indonesia. Hama ini tersebar di ber-

bagai daerah di Afrika, Timur Tengah, Eropa Selatan, Asia Tengah, Australia, Selandia Baru, dan beberapa pulau di lautan Pasifik (Zhou *et al.* 2000). Hama ini merupakan hama penting di Indonesia pada berbagai tanaman pertanian seperti kapas, jagung, kedele (Nurindah dan Bindra 1989). Serangga polifag ini mempunyai mobilitas yang tinggi dan mampu berkembang menjadi resisten terhadap beberapa insektisida yang umumnya dipakai petani (Zhou *et al.* 2000).

Parasitoid telur dari genus *Trichogramma* dan *Trichogrammatidae* merupakan parasitoid yang umumnya digunakan untuk pengendalian hayati hama dari Lepidoptera. Parasitoid ini sulit untuk diidentifikasi, karena ukurannya sangat kecil. Di samping itu, kurangnya karakter pengenal yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi parasitoid ini menambah kesulitan dalam usaha pengendalian tersebut (Silva *et al.* 1999).

Beberapa penelitian juga menyebutkan bahwa keefektifan parasitoid sebagai agen pengendali hama di lapang sangat dipengaruhi oleh struktur populasi yang terbentuk. Terbentuknya struktur populasi ini sangat dipengaruhi oleh beberapa faktor, antara lain perilaku parasitoid itu sendiri (Vaughn dan Antolin 1998), kondisi agroekosistem dan faktor abiotik yang berpengaruh pada distribusi parasitoid (Roderick 1996; Slatkin 1994).

Selama ini diketahui bahwa populasi merupakan kelompok individu yang berasal dari satu spesies yang mendiami habitat tertentu, dengan interaksi yang terjadi secara acak sehingga populasi menjadi relatif berkesinambungan, dan biasa disebut dengan populasi tradisional (*panmictic population*). Kejadian di alam menunjukkan bahwa interaksi di dalam populasi tidak terjadi secara acak, sehingga populasi dapat terbagi menjadi beberapa kelompok yang disebut sub-sub populasi (McCullough 1996). Interaksi yang tidak acak ini dapat dibuktikan dengan ditemukannya suatu fenomena ketidaksesuaian reproduksi (*reproductive incompatibility*), yaitu individu-individu yang berasal dari satu spesies tidak dapat melakukan kopulasi dan tidak

menghasilkan keturunan (Sorati *et al.* 1996). Dengan demikian, keragaman genetik individu-individu dalam satu spesies sangat menentukan struktur populasi juga.

Keberadaan subpopulasi bagi pengendalian hayati di lapang memberikan implikasi yang besar. Pada saat pelepasannya ternyata parasitoid tidak mampu berintegrasi dengan populasi lokal, sehingga populasi parasitoid di lapang tidak bertahan dan tidak dapat menekan populasi hama saat itu, yang menyebabkan pengendalian hayati menjadi gagal.

Beberapa penelitian yang meneliti tentang struktur populasi serangga dengan menggunakan teknik RAPD-PCR dan teknik lainnya telah dilakukan di luar negeri, seperti struktur populasi nyamuk *Aedes aegypti* (Apostol *et al.* 1996), nyamuk *Anopheles darlingi* (Manguin *et al.* 1999), dan *Helicoverpa armigera* (Zhou *et al.* 2000). Penelitian tentang keragaman genetik dan struktur populasi parasitoid baik *Trichogramma* atau *Trichogrammatoidea* di Indonesia belum pernah dilakukan. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik dan struktur populasi *Trichogrammatoidea armigera* berdasarkan analisis RAPD-PCR.

## BAHAN DAN METODE

### Pengumpulan Sampel Serangga

Pengambilan sampel populasi parasitoid yang menyerang telur *H. armigera* dilakukan di Jawa Barat (Cianjur) dan Jawa Timur (Malang dan Asembagus) pada beberapa tipe agroekosistem (Tabel 1). Jarak antara Malang dan Asembagus adalah sekitar 300 km, dan keduanya berjarak sekitar 1.200 km dari Cianjur. Pengambilan contoh parasitoid telur dilakukan dengan cara mengoleksi telur-telur *H. armigera* yang berada di pertanaman, yang kemudian dipelihara di laboratorium dan diamati jenis parasitoid yang muncul dari telur-telur tersebut. Pengambilan telur *H. armigera* dilakukan secara transek dari tanaman paling pinggir hingga masuk ke dalam dan keluar pada ujung yang

lain dari lapangan yang dimaksud. Jarak antar transek adalah 10 baris tanaman, jadi jumlah transek tergantung pada jumlah baris tanaman. Untuk setiap telur yang ditemukan dicatat posisinya, yaitu transek ke-, tanaman ke-, dan disimpan secara terpisah dari telur-telur yang lain. Telur-telur yang dikoleksi dibawa ke laboratorium dan dipelihara dalam tabung gelas untuk diperbanyak.

### Perbanyak Parasitoid Telur

Semua parasitoid telur yang dikoleksi dari lapang, dipelihara dalam tabung gelas berukuran 3 cm x 15 cm yang telah diolesi madu di dalamnya. Sebagai inangnya adalah telur-telur dari *C. cephalonica*. Telur-telur inang dilekatkan dengan *gum arabic* pada pias-pias (terbuat dari karton manila berukuran 1 cm x 10 cm). Telur-telur yang digunakan adalah telur-telur yang masih segar saat berumur 1-2 hari setelah ditelurkan. Pias-pias tersebut kemudian dipaparkan pada parasitoid selama 24 jam. Setiap hari pias diganti dengan yang baru sampai betina mati. Pias yang telah dipaparkan, dipindahkan dan disimpan dalam suhu kamar, sampai parasitoid muncul. Telur yang terparasit akan berubah warna menjadi kehitaman, sedangkan yang tidak terparasit akan menetas menjadi larva *C. cephalonica*. Setiap hari dilakukan pengamatan dan telur-telur yang tidak terparasit dibuang. Imago parasitoid yang muncul digunakan untuk pembiakan berikutnya dan untuk pengujian.

### Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA serangga dilakukan dengan mengikuti metode Loxdale dan Lushai (1998) yang menggunakan proteinase-K. Sejumlah 50-100 ekor serangga dari setiap 1 *isofemale line* digerus dalam 400  $\mu$ l larutan TEN (Tris-HCl 10 mM pH 8,0, EDTA 2 mM, pH 8,0, dan NaCl 0,4 M) hingga lumat. Tahap selanjutnya ditambahkan 20% SDS 40  $\mu$ l dan 20 mg/ml proteinase-K 8  $\mu$ l. Campuran ini kemudian dipanaskan pada suhu 55°C selama 1 jam diikuti dengan penambahan 5 M NaCl 300  $\mu$ l. Setelah divortex sebentar, campuran

**Tabel 1.** Data lokasi pengambilan sampel populasi *Trichogrammatoidea armigera* untuk analisis RAPD.

Provinsi lokasi	Lokasi (meter dari permukaan laut)	Pola tanam (asal inang)	Kode populasi	Jumlah <i>isofemale line</i>
Jawa Timur	Malang (475 m dpl)	Kapas, jagung (jagung)	MKJJ	4
		Kapas, jagung (kapas)	MKJK	4
	Asembagus (5,5 m dpl)	Kapas monokultur (kapas)	AKMK	4
		Jagung monokultur (jagung)	AJMJ	2
		Kapas, kacang hijau (kapas)	AKKP	4
Jawa Barat	Cianjur (650 m dpl)	Jagung, singkong, wortel, daun bawang (jagung)	NYLD	3
		Jagung monokultur (jagung)	GAS1	6
		Jagung monokultur (jagung)	GAS2	4
Total				31

disentrifus pada mikrosentrifus pada 12.000 rpm selama 15 menit. Supernatan yang diperoleh dipindahkan ke tabung baru dan ditambah dengan satu volume isopropanol. Campuran ini kemudian didinginkan pada suhu  $-20^{\circ}\text{C}$  selama satu malam sebelum DNA-nya diendapkan dengan sentrifugasi selama 15 menit. Pelet yang diperoleh dicuci dengan etanol 70%, dikeringanginkan dan dilarutkan dalam 30  $\mu\text{l}$  larutan TE.

### RAPD-PCR

PCR dilaksanakan dengan menggunakan empat buah primer hasil seleksi dari beberapa pustaka yang berhasil mendapatkan primer untuk serangga terutama *Trichogramma* spp. dan seleksi dari penelitian pendahuluan. Salah satu primer, yaitu RUT1 merupakan primer yang digunakan oleh Vanlerberghe-Masuti (1994). Primer RUT2 merupakan primer yang digunakan oleh Meilin (1999) untuk mempelajari keragaman genetik *Trichogramma* spp. Primer IDT 45 dan IDT 48 adalah hasil seleksi dari 6 primer yang digunakan pada penelitian pendahuluan dari penelitian ini. Urutan basa primer yang digunakan adalah RUT1 (5'-ccctggacgtca caat), RUT2 (5'-ggtgcgggaa), IDT45 (5'-tggcgcagtg), dan IDT 48 (5'-acgccagagg). Reaksi dilakukan pada volume 27,5  $\mu\text{l}$  dengan menggunakan 22,5  $\mu\text{l}$  Platinum PCR Supermix (Invitrogen), 3  $\mu\text{l}$  5 pmol/ $\mu\text{l}$  primer RAPD, dan 2  $\mu\text{l}$  2 ng/ $\mu\text{l}$  DNA. Amplifikasi dilakukan dengan mesin PCR PTC-100 (MJ Research) dengan denaturasi awal pada suhu  $94^{\circ}\text{C}$  selama 3 menit dilanjutkan dengan 45 siklus: denaturasi pada suhu  $94^{\circ}\text{C}$  selama 45 detik, penempelan pada  $36^{\circ}\text{C}$  selama 1 menit, dan pemanjangan pada suhu  $72^{\circ}\text{C}$  selama 2 menit. Amplifikasi diakhiri dengan pemanjangan akhir pada  $72^{\circ}\text{C}$  selama 8 menit. Hasil PCR disimpan pada suhu  $-20^{\circ}\text{C}$ , kemudian dielektroforesis pada 1,4% Agarsa TBE (Tris Borat EDTA) dengan tegangan 3V/cm selama 2 jam. Pita-pita hasil amplifikasi divisualisasikan dengan perendaman dalam larutan ethidium bromida dan pendaran di bawah sinar UV untuk kemudian direkam dalam foto Polaroid.

### Analisis Jarak Genetik dan Struktur Populasi

Semua analisis didasarkan pada ada atau tidak adanya pita DNA yang teramplifikasi. Data dari empat

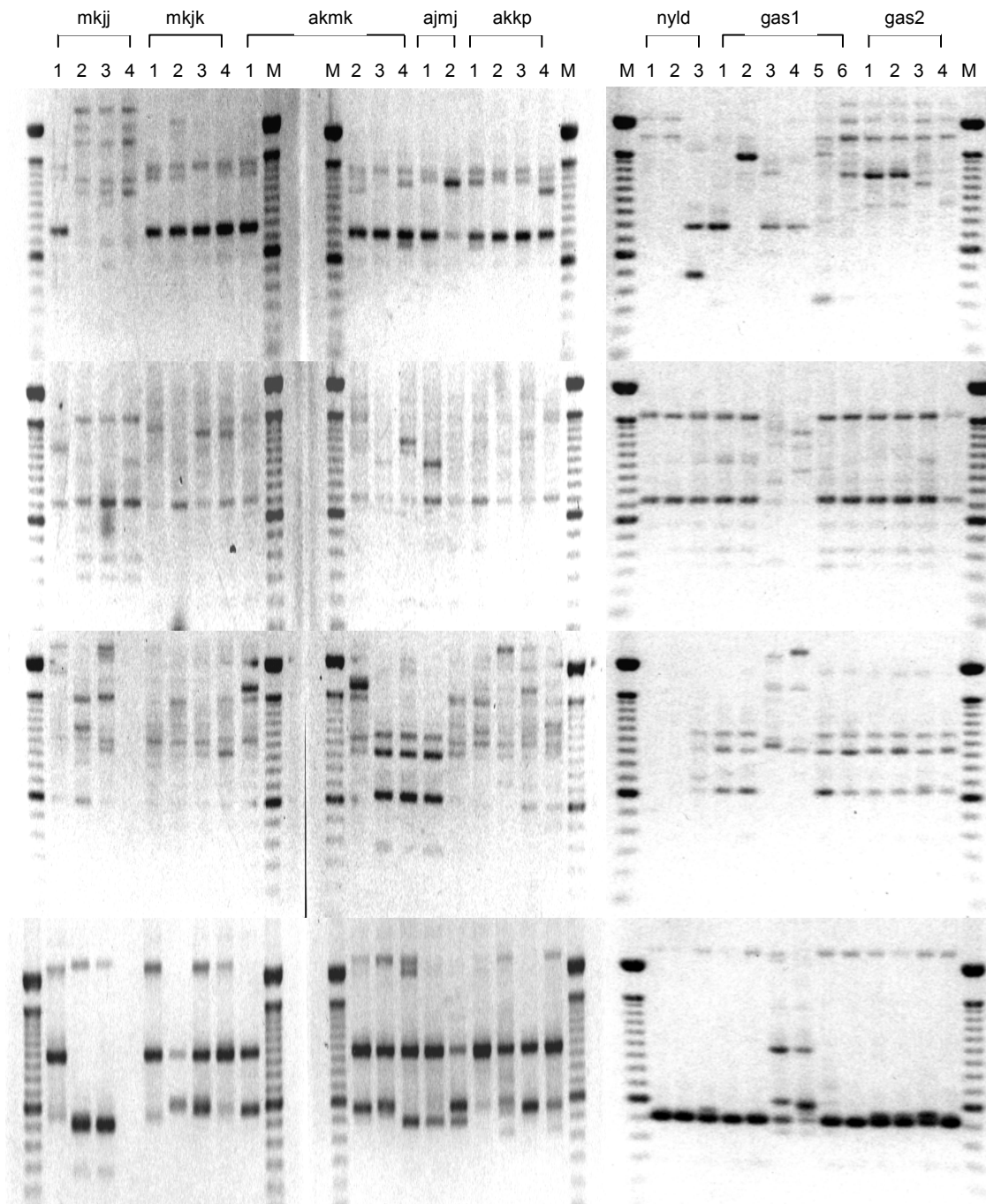
primer dijadikan satu dan dianalisa dengan NTSYS untuk mengetahui jarak genetik antar sampel. Sebagai alat bantu visualisasi program Freetree digunakan untuk menghasilkan dendrogram. Analisis pengelompokan populasi (*population subdivision*) serta penghitungan laju migrasi dilakukan dengan mengikuti metoda Vaughn dan Antolin (1998). Koefisien  $F_{ST}$  (*fixation index*), dan  $N_m$  (*effective migration rate*) diukur dengan rumus dalam Hartl (1988) menggunakan program RAPDFST.

### HASIL DAN PEMBAHASAN

Serangga yang digunakan dalam analisis RAPD ini diperoleh dari telur *H. armigera* yang terparasitasi oleh serangga ini dari 3 lokasi (kota) sebagaimana tercantum dalam Tabel 1. Jarak tiap areal (subpopulasi) dalam satu kota (populasi) tidak lebih dari 1 km, kecuali areal dari Cianjur, yaitu jarak antara areal Nyalindung (NYLD) dan kedua areal Gasol (GAS1, GAS2) adalah 4,5 km. Jumlah *isofemale line* yang diperoleh dari hasil pengumpulan di lapang menentukan jumlah *isofemale line* yang diekstrak DNA-nya (sampel). Pada pengumpulan kali ini hanya diperoleh telur *H. armigera* yang diparasit *T'toidea armigera* dalam jumlah kecil walaupun telur inang yang dikumpulkan banyak. Hal ini menggambarkan bahwa distribusi *T'toidea armigera* di lapang terbatas. Jumlah total *isofemale line* yang diekstrak DNA-nya adalah 31 *isofemale line*. Banyaknya primer yang digunakan ditentukan juga oleh DNA yang tersedia. Karena serangga parasitoid ini adalah serangga yang berukuran sangat kecil dengan kemampuan menghasilkan keturunan yang terbatas pula maka hanya dapat diekstrak sekitar 50-100 ekor serangga dari setiap *isofemale line*. Oleh karena itu, jumlah primer yang dapat digunakan juga terbatas. Oleh karena itu, primer yang digunakan dipilih dari primer hasil seleksi yang telah digunakan dalam penelitian sebelumnya dan menunjukkan tingkat polimorfisme yang relatif tinggi. Hasil PCR 31 *isofemale line* dengan 4 primer terpilih memperlihatkan sebanyak 55 lokus atau pita DNA dengan ukuran berbeda (Tabel 2). Profil RAPD dengan empat primer pada delapan populasi *T'toidea armigera* di tiga lokasi di Jawa disajikan pada Gambar 1.

**Tabel 2.** Jumlah sampel (*isofemale line*) dan persentase lokus polimorfik.

Populasi	Jumlah Sampel ( <i>isofemale line</i> )	Jumlah lokus polimorfik	Lokus polimorfik (%)
Malang	8	32	60,38
Asembagus	10	27	50,94
Cianjur	13	40	75,47
Total	31	52	98,11



**Gambar 1.** Profil RAPD dengan empat primer (A: IDT48, B: IDT45, C: RUT2, D: RUT1) pada delapan populasi *T. armigera* dari tiga lokasi di Jawa. mkjj = Malang, polikultur kapas-jagung sampel diambil pada jagung, mkjk = Malang, polikultur kapas-jagung, sampel diambil pada kapas, akmk = Asembagus, kapas monokultur, ajmj = Asembagus, jagung monokultur, akkp = Asembagus, kapas-kacang hijau, nyld = Nyalindung, jagung monokultur, gas1 = Gasol, jagung monokultur, gas2 = Gasol, jagung monokultur. M: 100 bp DNA Ladder. Angka menunjukkan nomor *isofemale line*. Primer A < B < C < dan D berturut-turut menghasilkan pita DNA (lokus) yang dapat diskor masing-masing 14, 13, 15, dan 13 lokus.

### Laju Migrasi dan Struktur Populasi

Nilai  $F_{ST}$  dan padanannya ( $\theta$ ), dapat dilihat pada Tabel 3. Nilai rata-rata  $F_{ST}$  yang diperoleh untuk tiap

lokasi tidak terlalu jauh berbeda. Nilai  $F_{ST}$  lebih dari nol menunjukkan bahwa subpopulasi mengalami isolasi reproduksi, yaitu tidak banyak terjadi pertukaran materi genetik antar subpopulasi. Oleh karena itu, nilai

laju migrasi ( $N_m$ ) yang diperoleh juga kecil antara 0,3-1,3 untuk semua populasi. Bahkan perkiraan dengan metode Lynch dan Milligan (1994) yang memperhitungkan ukuran kecil sampel menunjukkan perkiraan nilai  $N_m$  yang relatif lebih kecil dibandingkan dengan metode Wright. Hal ini menunjukkan bahwa *T'oidea armigera* tidak menyebar dengan cepat dan jauh.

Analisis keragaman secara molekuler menunjukkan bahwa variasi di dalam tiap populasi (areal) berperan cukup tinggi (59%) dalam total variasi (Tabel 4). Hal ini menunjukkan adanya pergeseran genetik (*genetic drift*) antar populasi lokal (Apostol *et al.* 1996). Fenomena ini didukung oleh laju migrasi yang rendah dari hasil analisis  $F_{ST}$ . Laju migrasi rendah menyebabkan populasi lokal berkembang secara lebih bebas dari populasi lokal lainnya dan menyebabkan pergeseran genetik. Komponen variasi antar lokasi juga cukup besar, yaitu 24%. Hal ini menunjukkan adanya perbedaan genetik populasi *T'oidea armigera* antar lokasi mengingat jarak antar lokasi yang cukup jauh dan perkiraan laju migrasi yang rendah. Nilai ini diperkirakan masih lebih kecil daripada nilai sebenarnya, jika laju migrasi benar-benar serendah yang diperoleh dalam analisis ini.

Dengan laju migrasi yang diperkirakan rendah, maka dapat diharapkan bahwa populasi-populasi dalam satu lokasi akan mempunyai kesamaan genetik yang relatif lebih tinggi dibandingkan dengan populasi dari lokasi lain. Sebagaimana terlihat di dalam dendrogram yang menunjukkan pengelompokan berdasarkan kesamaan genetik, terdapat beberapa populasi

yang keluar dari kelompok asal lokasinya atau bahkan terlihat lebih mengelompok dengan populasi dari lokasi lain (Gambar 2). Hal ini terutama terlihat pada populasi dari Malang dan Asembagus. Pada pengelompokan berdasarkan 50% kesamaan genetik, terlihat bahwa sebagian besar populasi Malang dan Asembagus tak dapat dipisahkan. Sementara itu sebagian besar populasi Cianjur membentuk kelompok yang terpisah. Keragaman genetik yang cukup tinggi pada populasi dari Malang dan Asembagus ini bisa terjadi karena pengaruh adaptasi pada pertanaman asal inang. Seperti terlihat di Tabel 1, jenis tanaman asal di kedua lokasi ini adalah kapas dan jagung, sementara populasi Cianjur berasal dari jagung saja. Namun demikian, di dalam dendrogram tidak terlihat adanya pengelompokan jelas berdasarkan jenis tanaman asal inang ini.

Ada 2 populasi dari Cianjur (cjr.gas1.3 dan cjr.gas1.4) yang tampaknya berbeda secara genetik dengan populasi Cianjur lainnya. Demikian juga terdapat 3 populasi Malang (mlg.mkjj.2, mlg.mkjj.3, dan mlg.mkjj.4) yang tampaknya berbeda dengan populasi Malang ataupun Asembagus lainnya. Dua kelompok kecil ini kemungkinan adalah migran *T'oidea armigera* dari tempat lain yang baru saja membentuk populasi baru di habitat barunya dan belum terjadi pertukaran genetik dengan populasi parasitoid yang telah lama di tempat tersebut. Jika terjadi percampuran genetik antar mereka tentunya dapat diharapkan adanya kesamaan genetik antara dua kelompok ini dengan populasi di asal lokasi masing-masing akan lebih besar. Adanya kelompok kecil dari suatu populasi yang berbeda dari populasi lainnya diduga karena:

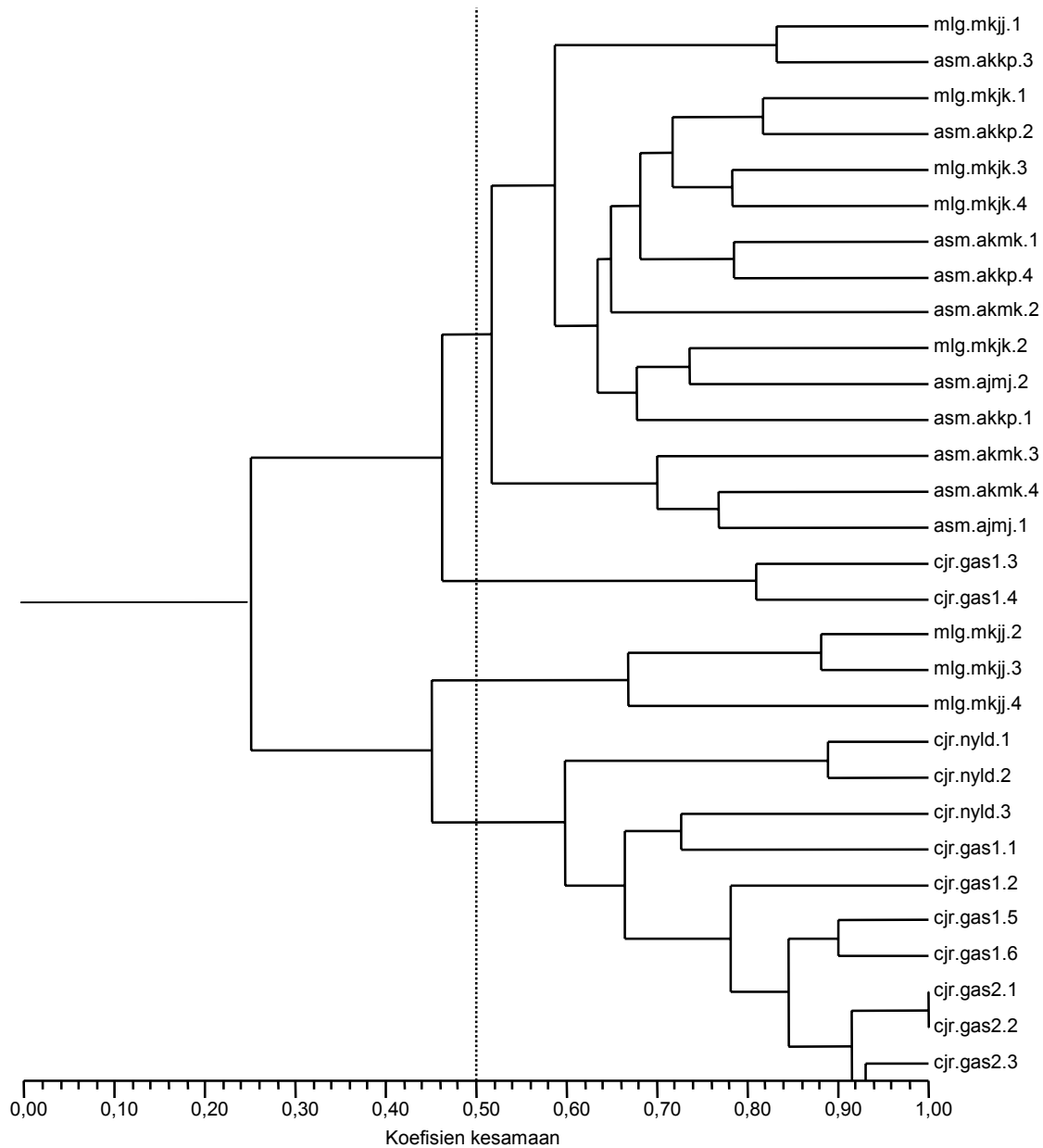
**Tabel 3.** Perkiraan indeks fiksasi ( $F_{ST}$ ) dan padanannya ( $\Theta$  serta Laju migrasi efektif ( $N_m$ ) populasi *Trichogrammatoidea armigera* yang berasal dari tiga lokasi di Jawa.

Populasi	Metode					
	Wright (1951)		Weir dan Cockerham (1984)		Lynch dan Milligan (1994)	
	$F_{ST}$	$N_m$	$\Theta$	$N_m$	$F_{ST}$	$N_m$
Malang	0,259 (0,231)	0,7	0,426 (0,292)	0,3	0,38 (0,284)	0,4
Asembagus	0,206 (0,222)	1	0,244 (0,288)	0,8	0,304 (0,287)	0,6
Cianjur	0,25 (0,206)	0,7	0,382 (0,262)	0,4	0,419 (0,275)	0,3
Total	0,162 (0,193)	1,3	0,305 (0,227)	0,6	0,295 (0,210)	0,6

Deviasi standar diberikan di dalam kurung di bawah nilai  $F_{ST}$ .

**Tabel 4.** Komponen keragaman molekuler populasi *Trichogrammatoidea armigera* dari tiga lokasi di Jawa.

Komponen variasi	Variasi (persentase dari total)
Variasi antar lokasi	4,14689198310 (24,33%)
Variasi antar populasi dalam satu lokasi	2,90308158060 (17,04%)
Variasi dalam populasi	9,99158244560 (58,63%)



**Gambar 2.** Dendrogram pengelompokan berdasarkan kesamaan genetik atas 55 lokus RAPD populasi *T. armigera* dari tiga lokasi di Jawa. mkjj = Malang, polikultur kapas-jagung sampel diambil pada jagung, mkjk = Malang, polikultur kapas-jagung, sampel diambil pada kapas, akmk = Asembagus, kapas monokultur, ajmj = Asembagus, jagung monokultur, akkp = Asembagus, kapas-kacang hijau nyld = Nyalindung, jagung monokultur, gas1 = Gasol, jagung monokultur, gas2 = Gasol, jagung monokultur. M: 100 bp DNA Ladder.

**1. Adanya fenomena metapopulasi:**

Umumnya, banyak populasi parasitoid di alam yang menampakkan tidak adanya *continous population* karena individu dalam populasi tersebut ternyata tidak bercampur acak. Perkawinan bisa tidak terjadi secara acak (walaupun populasinya kecil), oleh sebab itu populasi tersebut terdiri dari berbagai kelompok yang memiliki umur, jenis kelamin dan struktur sosial

yang berbeda. Populasi yang memiliki ciri-ciri seperti ini distribusinya tidak berkesinambungan (*discontinuous*) dan dipisahkan oleh matriks (pembatas) (McCullough 1996). Dalam kondisi ini, pergerakan antar populasi yang dibatasi oleh matrix tersebut tidak secara rutin terjadi, sehingga ada pembatasan pemencaran (*dispersal*) individu dari satu populasi ke populasi lainnya. Jadi, tiap-tiap populasi berada pada *patches* yang berbeda. Populasi yang terjadi pada kondisi

seperti itu disebut dengan metapopulasi, yaitu populasi yang terdiri atas beberapa populasi lainnya (*population of populations*).

Terbatasnya ruang gerak individu-individu dalam populasi yang disebabkan oleh adanya matriks tertentu individu menyebabkan interaksi individu-individu menjadi terbatas pada suatu ruang tertentu. Kondisi seperti ini yang berlangsung cukup lama bisa berujung pada terbentuknya adaptasi lokal pada sub-sub populasi yang terpisah, sehingga kelompok kecil ini akhirnya akan memiliki karakter genetik yang berbeda dengan kelompok asalnya.

## 2. Migrasi yang dibantu oleh angin

Untuk serangga seukuran Trichogrammatidae akan sangat mudah sekali diterbangkan oleh angin. Dalam hal ini, beberapa betina Trichogrammatidae yang berada pada suatu habitat tertentu dimungkinkan untuk bermigrasi ke daerah lain yang sama sekali berbeda dan kemudian beradaptasi serta membentuk kelompok tersendiri.

## KESIMPULAN DAN SARAN

Hasil analisis 55 lokus RAPD pada 8 populasi *T. armigera* asal Malang, Asembagus, dan Cianjur mengindikasikan indeks fiksasi ( $F_{ST}$ ) yang positif yang berarti sedikit terjadi pertukaran genetik antar populasi dengan laju migrasi ( $Nm$ ) yang relatif rendah. Hasil ini menunjukkan bahwa penyebaran *T. oidea armigera* tidaklah terlalu cepat dan luas. Namun demikian, analisis lebih menyeluruh dan terstruktur dengan melibatkan jumlah primer dan sampel yang lebih besar akan memberikan indikasi dinamika populasi yang lebih tepat.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini merupakan salah satu penelitian yang dibiayai oleh Dewan Riset Nasional (DRN) melalui Program Riset Unggulan Terpadu X. Terima kasih disampaikan kepada DRN, Kepala BB-Biogen, Ketua Jurusan HPT-IPB, dan Kepala Balittas yang telah memberi kesempatan dan izin untuk melaksanakan penelitian ini dengan menggunakan fasilitas pada masing-masing institusi. Penghargaan juga disampaikan kepada Dr. Made Tasma yang telah memberi saran-saran dalam penulisan naskah ini.

## PUSTAKA

- Apostol, B.L., W.C. Black IV, P. Reiter, and B.R. Miller. 1996.** Population genetics with RAPD-PCR markers: The breeding structure of *Aedes aegypti* in Puerto Rico. *Heredity* 76:325-334.
- Buchari, D., P. Hidayat, K. Utomo, Alinormansyah, dan A. Meilin. 2001.** Dinamika interaksi antar parasitoid Trichogrammatidae dan inang-inangnya: Faktor-faktor yang berpengaruh terhadap kualitas Trichogrammatidae sebagai agen pengendali hayati. Laporan Akhir Penelitian tahap III. Hibah Bersaing Perguruan Tinggi VII/3 tahun 2001. Institut Pertanian Bogor.
- Hartl, D.L. 1988.** Population Genetics: A Primer. Academic Press, New York.
- Loxdale H.D. and G. Lushai. 1998.** Molecular markers in entomology. *Bull. of Entomol. Res.* 88:577-600.
- Lynch, M. and B.G. Milligan. 1994.** Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Mol. Ecol.* 3: 91-99.
- Manguin, S., R.C. Wilkerson, J.E. Conn, Y. Rubio-Palis, J.A. Danoff-Burg, and D.R. Robert. 1999.** Population structure of the primary malaria vector in South America, *Anopheles darlingi*, using isozyme, random amplified polymorphic DNA, internal transcribed spacer 2 and morphologic markers. *Am. J. Tropical Med. Hyg.* 60(3): 364-376.
- McCullough, D.R. 1996.** Metapopulations and Wildlife Conservation. Island Press. Covelo, California. 432 p.
- Meilin, A. 1999.** Keragaman karakter morfologi dan genetik populasi parasitoid telur, *Trichogramma* spp. dan *Trichogrammatidae* spp. (Hymenoptera: Trichogrammatidae) dari daerah geografis yang berbeda di pulau Jawa. Thesis. Program Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor. 56 hlm.
- Nurindah and O.S. Bindra. 1989.** Studies on *Trichogramma* spp. (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in the control of *Heliothis armigera* (Hubner) (Lepidoptera: Noctuidae). *Biotrop. Spec. Publ.* 36:165-173.
- Roderick, G.K. 1996.** Geographic structure on insect population: gene flow, phylogeography, and their uses. *Ann. Rev. Ent.* 41:325-352.
- Silva, I.S.M.M.S., J. Honda, F. Van Kan, J. Hu, L. Neto, B. Pintureau, and R. Stouthamer. 1999.** Molecular differentiation of five *Trichogramma* species occurring in Portugal. *Biological Control* 16:177-184
- Slatkin, M. 1994.** Gene flow and Population Structure. *In* Real. L.A. (Ed.). *Ecological Genetics*. Princeton University Press. Princeton. New York. p. 3-17.
- Sorati, M., M. Newman, and A.A. Hoffman. 1996.** Inbreeding and incompatibility in *Trichogramma nr. brassicae*: evidence and implications for quality control. *Entomol. Experiment. et Appli.* 78:289-290.
- Vanlerberghe-Masuti, F. 1994.** Detection of genetic variability in *Trichogramma* populations using molecular mark-

- ers. Norwegian Journal of Agric. Sci. Supplement. 16: 171-176.
- Vaughn, T.T. and M.F. Antolin. 1998.** Population genetics of an opportunistic parasitoid in an agricultural landscape. *Heredity*. 80:152-162.
- Weir, B.S. and C.C. Cockerham. 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38:1358-1370.
- Wright, S. 1951.** The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15:323-354.
- Zhou Xiaofeng, O. Faktor, S.W. Applebaum, and M. Coll. 2000.** Population structure of the pestiferous moth *Helicoverpa armigera* in the Eastern Mediterranean using RAPD analysis. *Heredity* 86:251-256
-