

**Keragaman Fenotipe dan Genetik Kumbang  
*Brontispa longissima* (Coleoptera: Chrysomelidae) pada Tanaman Kelapa  
*The Genetic and Phenotypic Diversities of Brontispa longissima* Beetle  
(Coleoptera: Chrysomelidae) on Coconut Palms**

JELFINA C. ALOUW<sup>1</sup>, ISMAIL MASKROMO<sup>2</sup>, DAN FADJRY DJUFRY<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Pusat Penelitian dan Pengembangan Perkebunan  
Jl. Tentara Pelajar No.1. Cimanggu, Bogor, 16111

<sup>2</sup>Balai Penelitian Tanaman Palma  
Jl. Raya Mapanget P.O. Box 1004 95001  
E-mail: [Jelfinaalouw07@gmail.com](mailto:Jelfinaalouw07@gmail.com)

Diterima 10 Juli 2017 / Direvisi 11 September 2017 / Disetujui 6 Nopember 2017

### ABSTRAK

*Brontispa longissima* merupakan salah satu hama utama kelapa yang dapat menyebabkan kerusakan daun dan kehilangan hasil kelapa secara ekonomi. Terdapat variasi warna dan pola pewarnaan *elytra* *B. longissima* yang tersebar di Indonesia. Tujuan penelitian adalah untuk menganalisis keragaman fenotipe dan genetik hama *Brontispa longissima* yang berasal dari beberapa daerah dengan menggunakan marka RAPD. Analisis keragaman genetik berdasarkan marka RAPD dilakukan terhadap hama *B. longissima* yang dikoleksi dari Sulawesi Utara (Sulut), Sulawesi Selatan (Sulsel), Ambon/Seram, dan Papua Barat. Penelitian dilaksanakan di Laboratorium Terpadu Hama dan Penyakit Balai Penelitian Tanaman Palma (Balit Palma), dan Laboratorium Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian (BB Biogen), dari Bulan Maret sampai dengan November 2016. Berdasarkan analisis RAPD menggunakan 3 primer pada enam sampel *B. longissima* menunjukkan sampel mengelompok menjadi dua kelompok besar yaitu kelompok I terdiri atas sampel Papua Barat dan Sulsel 2 dan kelompok II terdiri dari sampel Ambon/Seram, Sulut 1, Sulut 2 dan Sulsel 1 dengan tingkat kemiripan sekitar 50%. Pada kelompok I, sampel Papua Barat dan Sulsel 2 mempunyai kemiripan sekitar 75%. Kemiripan tertinggi (> 80 %) tampak antara sampel Sulut 1 dan Sulut 2 yang memiliki warna dan pola warna *elytra* yang berbeda. Primer OPA 01 dapat digunakan untuk membedakan antar sampel atau keragaman populasi sehingga dapat diaplikasikan sebagai alat deteksi yang cepat dan akurat.

*Kata kunci: Brontispa longissima, keragaman fenotipe dan genetik, marka RAPD.*

### ABSTRACT

*Brontispa longissima* is one of the main pests of coconut causing leaf damage and yield losses. Variation of color and pattern of the elytra was found among population of *B. longissima* distributed in Indonesia. The objective of the study was to analyze the phenotypic and genetic diversities of *Brontispa longissima* pests from several regions using RAPD markers. RAPD marker based diversities analysis was carried out to evaluate genetic and phenotypic relationships among population of *B. longissima* collected from North Sulawesi (Sulut), South Sulawesi (Sulsel), Ambon/Seram, and West Papua. Laboratory experiments were carried out at the Integrated Pest and Disease Laboratory of The Indonesian Palm Crops Research Institute (IPCRI) and the Laboratory of The Indonesian Center For Agricultural Biotechnology And Genetic Resources Research and Development (ICABOG RAD) from March to November 2016. Three of the twenty primers selected, have grouped the samples into two distinct clusters. Cluster analysis indicated 75% similarities between West Papua (P) populations and collections from South Sulawesi 2, and 50% similarities among samples from Ambon/Seram, North Sulawesi 1 and 2, and South Sulawesi 1. The highest similarity of more than 80% was found on two samples from North Sulawesi having different color and pattern of elytra. Primer OPA-01 showed highest polymorphism percentage.

*Keywords: Brontispa longissima, phenotypic diversity, genetic diversity, RAPD markers.*

### PENDAHULUAN

*Brontispa longissima*, salah satu hama dari family Chrysomelidae, tergolong hama utama

tanaman kelapa di Indonesia dan beberapa negara di kawasan Asia, Australia dan Pasifik (Rethinam dan Singh, 2007). Larva dan imago merupakan tahap perkembangan hama yang merusak tanaman. Larva dan imago menggerek lapisan

epidermis daun muda yang masih menutup atau belum terbuka penuh (Giang dan Nakamura, 2009., Tabugo *et al.*, 2012). Gejala serangan *B. longissima* ditandai dengan adanya bercak-bercak coklat paralel dengan tulang daun. Pada saat pelepah membuka penuh, bekas gerakan membusuk dan kemudian mengering. Serangan hama ini dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga 50% serta kematian tanaman muda (Stapley, 1980., Acevedo *et al.*, 2014). Kerugian ekonomi akibat serangan *B. longissima* berpotensi mencapai 1 M USD jika hama ini tidak segera dikendalikan (Rethinam dan Singh, 2007).

Hama ini pertama kali dilaporkan dari Kepulauan Aru, Maluku, pada tahun 1885 (Rethinam dan Singh, 2007), kemudian menyebar sebagai hama kurang penting pada beberapa Provinsi di Indonesia sejak tahun 1912. Pada sebelas tahun terakhir, *B. longissima* telah menyebar dengan cepat dan menimbulkan kerusakan berat di kawasan Asia (Cambodia, Indonesia, Jepang, Myanmar, Filipina, Taiwan, Thailand dan Vietnam) (Takano *et al.*, 2011; Yamashita *et al.*, 2008), Australia (Darwin, Broome, kepulauan Moa, Cooktown, Cairns, Innisfail, Marcoola dan Townsville) (Ma *et al.*, 2011) dan Pacific (French, Polynesia, New Caledonia dan Vanuatu) (Takano *et al.*, 2011; Takano *et al.*, 2013), sehingga merubah status hama ini menjadi hama penting (Rethinam & Singh, 2007). *B. longissima* telah dimasukkan sebagai hama invasif (Anonim, 2009).

Hama *B. longissima* (Gestro) tergolong dalam phylum Arthropoda, klas insecta, ordo Coleoptera, Chrysomeloidea, family chrysomelidae, sub family Hispinae, Genus *Brontispa* species *longissima* (Staines, 2012). (Maulik, 1938) melaporkan bahwa *Brontispa* telah tersebar dengan nama *B. longissima longipennis* Gestro di Papua New Guinea; *B. longissima froggatti* Sharp di Solomons; *B. longissima javana* Weise, *B. longissima celebensis* Gestro and *B. affinis* Uhmman di Pulau Jawa; *B. longissima celebensis* Gestro di Pulau Sulawesi; *B. longissima longissima* Gestro di Kepulauan Aru; dan *B. longissima castanea* Lea di Kepulauan Lord Howe.

*Elytra* dari *B. longissima* var. *longissima* berwarna coklat, *B. longissima* var. *froggatti* Sharp berwarna hitam sedangkan *B. longissima* var. *selebensis* Gestro bercak berwarna hitam terdapat pada bagian tengah. *B. longissima* var. *longissima* juga ditemukan di Biak Numfor Provinsi Papua dan Provinsi Maluku (Alouw dan Hosang, 2008a; Alouw dan Hosang, 2008a, 2008b). *B. longissima* dengan *elytra* berwarna coklat mendominasi populasi *B. longissima* di Sulawesi Utara, namun sejak tahun 2008 (Alouw dan Hosang, 2008b),

kumbang dengan *elytra* berwarna hitam yang dominan. Variasi karakter warna *elytra* hama *B. longissima* menyulitkan petugas lapangan dan petani untuk membedakannya dengan hama bibit kelapa, *Plesispa reichei*.

Identifikasi *B. longissima* yang berasal dari kawasan Asia dan Pasifik dengan menggunakan tehnik molekuler telah berhasil menemukan adanya dua species cryptic (*Asian* dan *Pacific clades*). *Species cryptic* adalah species yang memiliki karakter fenotipe yang *overlapping* atau tumpang tindih sehingga sulit dibedakan secara morfologi tetapi berbeda secara genetik (Takano *et al.*, 2013; Takano *et al.*, 2011). *Asian clades* lebih berbahaya dari pada *Pacific clade* karena *Asian clades* memiliki ciri-ciri biologi seperti kemampuan reproduksi lebih tinggi, kemampuan adaptasi yang lebih baik pada kondisi lingkungan baru, memiliki kemampuan berkompetisi yang lebih tinggi daripada *Pacific clade*. Perbedaan karakter ini mengindikasikan pendekatan pengendalian yang berbeda pula (Takano *et al.*, 2011).

Keragaman genetik dapat terjadi karena adanya perubahan urutan nukleotida penyusun DNA atau mutasi, rekombinasi, atau migrasi gen dari satu tempat ke tempat lain. Perubahan ini mungkin dapat mempengaruhi fenotipe atau reaksi organisme terhadap lingkungan atau perlakuan tertentu. Keragaman fenotipe dan genetik *B. longissima* bermanfaat antara lain sebagai *clue* penyebaran hama sehingga bermanfaat bagi karantina dalam mengetahui jalan masuk hama dan mencegah penyebarannya. Keragaman genetik hama dapat digunakan sebagai landasan ilmiah dalam merakit teknologi pengendaliannya.

Marka molekuler seperti *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) telah banyak digunakan untuk mengetahui variasi genetik serangga (Moorthy *et al.*, 2013, Tabikha dan Addis, 2016), mengidentifikasi sejumlah spesies hama dan penyakit serta agensia hayatinya, memahami hubungan kekerabatan, biotipe dan spesies *cryptic* dan mengukur jarak genetik antara populasi dan keragaman dalam populasi, menelusuri filogeni dan biogeografi dari populasi serangga, dan pola evolusinya (Jain *et al.*, 2010). Populasi *B. longissima* yang dikoleksi dari enam lokasi di Sulut, Sulsel, Ambon/Seram dan Papua Barat digunakan untuk menganalisis keragaman genetiknya menggunakan marka RAPD. Tujuan penelitian adalah untuk menganalisis keragaman fenotipe dan genetik hama *Brontispa longissima* yang berasal dari beberapa daerah menggunakan marka RAPD.

## BAHAN DAN METODE

Penelitian lapangan dilaksanakan dengan mengambil sampel hama *B. longissima* dari Sulut, Sulsel, Ambon/Seram, dan Papua Barat. Penelitian dilaksanakan di Laboratorium Terpadu Hama dan Penyakit Balit Palma, dan Laboratorium BB Biogen, sejak Maret - November 2016.

### Pengamatan karakter fenotipe

Pengamatan morfologi dari spesies chrysomelidae (*B. longissima*) dilakukan menurut kunci identifikasi Gressitt (1960). Pengamatan dilakukan juga terhadap variasi pola warna *elytra* dari imago yang dikumpulkan dari berbagai daerah.

### Ekstraksi DNA

Imago hama *B. longissima* yang dikoleksi dari lapangan disimpan di dalam tabung mikrosentrifus 1,5 ml berisi 200 µl ethanol 99% dan disimpan di dalam freezer pada suhu -20°C. DNA diekstrak dari imago *B. longissima* menggunakan prosedur yang tercantum dalam *DNeasy blood and tissue kit*. Imago dimasukkan ke dalam tabung sentrifuse volume 1,5 ml lalu digerus sampai halus. Buffer ATL sebanyak 180 µl ditambahkan ke dalam tabung mikrosentrifuse, kemudian 20 µl proteinase K, dicampurkan dan divorteks selama beberapa detik. Campuran diinkubasi pada suhu 56°C sampai jaringannya hancur. Sebelum penambahan 200 µl buffer AL, tabung divorteks selama 15 detik. Sampel diinkubasi pada suhu 56°C selama 10 menit. Setelah proses inkubasi, ditambahkan 200 µl etanol (96-100%) selanjutnya tabung divorteks.

Campuran dipindahkan ke dalam *DNeasy mini spin column* dan diletakkan ke dalam tabung koleksi berukuran 2,00 ml. Sentrifugasi dengan kecepatan 8.000 rpm selama 1 menit. *Spin column* dimasukkan ke dalam tabung koleksi yang baru (2,00 ml) dan ditambahkan 500 µl buffer AW1, selanjutnya disentrifugasi dengan kecepatan 8.000 rpm selama 1 menit. *Spin column* dalam tabung koleksi (2,00 ml) yang baru dan ditambahkan 500 µl buffer AW2, kemudian disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 3 menit. Larutan dalam *spin column* ditransfer ke dalam tabung mikrotube 1,50 ml atau 2,00 ml. DNA yang berada pada *spin column* ditambahkan 200 µl buffer AE dan diinkubasi selama 1 menit pada suhu 15-25°C. Setelah itu, disentrifugasi pada kecepatan 8.000 rpm selama satu menit. Konsentrasi dan kualitas DNA diukur dengan *nanodrop spektrofotometer*. Kualitas DNA diuji pada gel agarose 1% dengan

standar 100 bp ladder (Fermentas, Germany). DNA disimpan dalam freezer pada suhu -20°C. DNA yang memiliki kualitas dan kuantitas yang baik, dilanjutkan dengan *polymerase chain reaction* (PCR).

### Amplifikasi DNA dengan marker RAPD

Seleksi awal marka RAPD yang polymorphic dilakukan dengan menggunakan 20 primer RAPD yaitu: OPA-01 (CAGGCCCTTC), OPA-02 (TGCCGAGCTG), OPA-03 (AGTCAGCCAC), OPA-04 (AATCGGGCTG), OPA-05 (AGGGGTCTTG), OPA-16 (AGCCAGCGAA), OPT-01 (GGGCCACTCA), OPT-02 (GGAGAGACTC), OPT-03 (TCCACTCCTG), OPT-04 (CACAGAGGGA), OPT-05 (GGGTTTGGCA), OPD-01 (ACCGCGAAGG), OPD-02 (GGACCCAACC), OPE-03 (CCAGATGCAC), OPE-06 (AAGACCCCTC), OPJ-03 (TCTCCGCTTG), OPJ-05 (CTCCATGGGG), OPJ-06 (TCGTCCGCA), OPR-01 (TGCGGGTCTT), OPR-02 (CACAGCTGCC). Komposisi reagensia untuk amplifikasi PCR terdiri atas 5,30 µl air bebas ion, 1 µl 10x buffer PCR, 0,20 µl dNTPs 5,00 mM, 1,00 µl primer dengan konsentrasi 5,00 µM, 0,50 µl Taq DNA Polimerase dan 2,00 µl 5 ng DNA. Tahapan amplifikasi PCR terdiri atas pre-denaturasi pada suhu 94°C selama 5 menit, diikuti oleh 35 siklus yang terdiri atas tahapan denaturasi pada suhu 94°C selama 45 detik, penempelan primer pada suhu 45°C selama 45 detik, dan pemanjangan primer pada suhu 72°C selama 45 detik. Setelah 35 siklus selesai, kemudian diikuti oleh pemanjangan akhir pada suhu 72°C selama 7 menit dan pendinginan pada suhu 4°C selama 10 menit. Kualitas DNA hasil PCR diuji dengan elektroforesis menggunakan 1,20 % gel agarose. Fragmen yang dihasilkan dari analisis RAPD yang tampak sebagai pita DNA diterjemahkan menjadi data biner berdasarkan ada tidaknya pita yang dimiliki secara bersama oleh individu serangga yang dianalisis.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Keragaman Fenotipe dan genetik

Pengamatan di bawah mikroskop dari sejumlah sampel *B. longissima* yang dikoleksi dari beberapa daerah di Sulut, Sulsel, Ambon/Seram dan Papua Barat menunjukkan adanya variasi warna dan pola warna hitam di atas permukaan *elytra* kumbang *B. longissima* (Gambar 1). Sampel dari Sulut memiliki variasi warna dominan hitam dan coklat dengan pola khas seperti terlihat pada

Gambar 1. Populasi hama yang paling banyak ditemui adalah kumbang *B. longissima* dengan warna hitam mendominasi pada bagian *elytra*. Sampel *B. longissima* yang berasal dari Ambon/Seram berwarna dominan cokelat dengan pola bercak hitam mirip populasi yang berada di Sulut (Gambar 1). *B. longissima* yang dikoleksi dari Sulsel memiliki pola warna *elytra* yang mirip dengan populasi dari Papua Barat (Gambar 1).

Dari 20 primer RAPD yang digunakan, diperoleh tiga primer yang dapat mengamplifikasi sampel DNA yang diuji, dengan kemampuan berbeda. Berdasarkan tampilan pita DNA, primer

OPA 02 tidak dapat membedakan sampel *B. longissima* dari Ambon/Seram dan Sulut (hitam), Papua Barat dan Sulut 2, Sulsel 2 dan Sulut 1. Primer OPT 02 tidak dapat membedakan sampel Sulsel 1, Papua Barat, dan Sulut 2, serta sampel dari Ambon/Seram dan Sulut 1. Primer OPA 01 mampu membedakan sampel *B. longissima* dari Ambon/Seram, Sulsel 1, Sulsel 2, Papua Barat, Sulut 1, dan Sulut 2. Berdasarkan penampilan pola pita DNA, maka RAPD OPA 01 merupakan primer terbaik karena dapat digunakan untuk membedakan antar sampel.

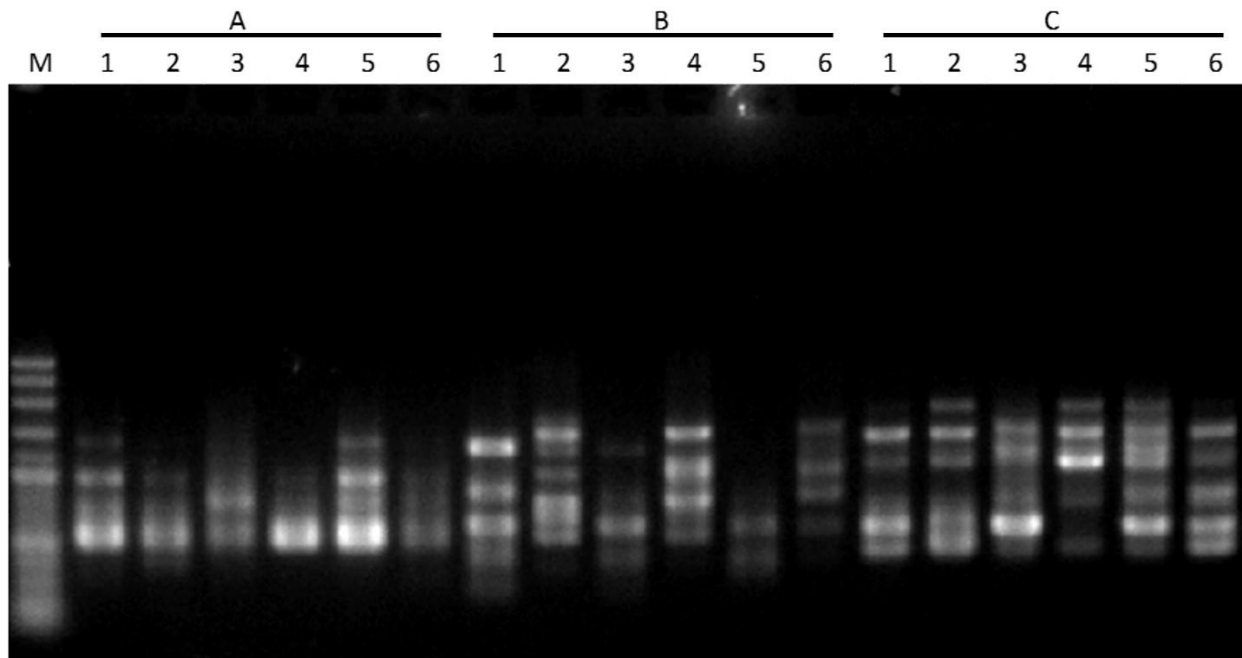


Gambar 1. Keragaman fenotipe (pola warna hitam dan cokelat pada permukaan *elytra*) *B. longissima* dari Sulut, Ambon/Seram, Papua Barat dan Sulsel (mikroskop Leica M125).

Figure 1. Phenotype diversity (black and brown pattern on *elytra*'s surface) of *B. Longissima* origin from North Sulawesi, Ambon /Seram Island, West Papua, South Sulawesi (microscope Leica M125).

Hasil analisis dendogram (Gambar 2) tiga primer tersebut menunjukkan bahwa sampel mengelompok menjadi dua kelompok besar, yaitu kelompok I terdiri atas sampel *B. longissima* yang dikoleksi dari Papua Barat dan Sulsel 1 dan kelompok II terdiri atas sampel *B. longissima* yang dikoleksi dari Ambon/Seram, Sulut 1 (warna hitam), Sulut 2 (warna cokelat) dan Sulsel 2. Kelompok I memiliki kemiripan sekitar 75%, sedangkan populasi *B. longissima* dalam kelompok II memiliki kemiripan sekitar 50%. Populasi *B. longissima* dari Ambon yang berwarna cokelat memiliki kemiripan dengan populasi Sulut pada karakter fenotipe dan genetik. Hal sama ditunjukkan pada populasi *B. longissima* yang berasal dari Sulsel dan Papua Barat. Pada dendogram, populasi *B. longissima* dari Sulsel 2 terlihat lebih mengelompok dengan populasi dari lokasi lain (Ambon/Seram, dan Sulut), sedangkan Sulsel 1 mengelompok dengan populasi dari Papua Barat (Gambar 3). Hal menarik pada sampel warna cokelat dan hitam dari Sulut memiliki kemiripan tertinggi dengan nilai kemiripan > 80%. Hasil yang diperoleh sesuai dengan penelitian Takano *et al.*, (2011, 2013) yang mendapatkan bahwa sulit untuk membedakan spesies *B. longissima* berdasarkan karakter fenotipenya.

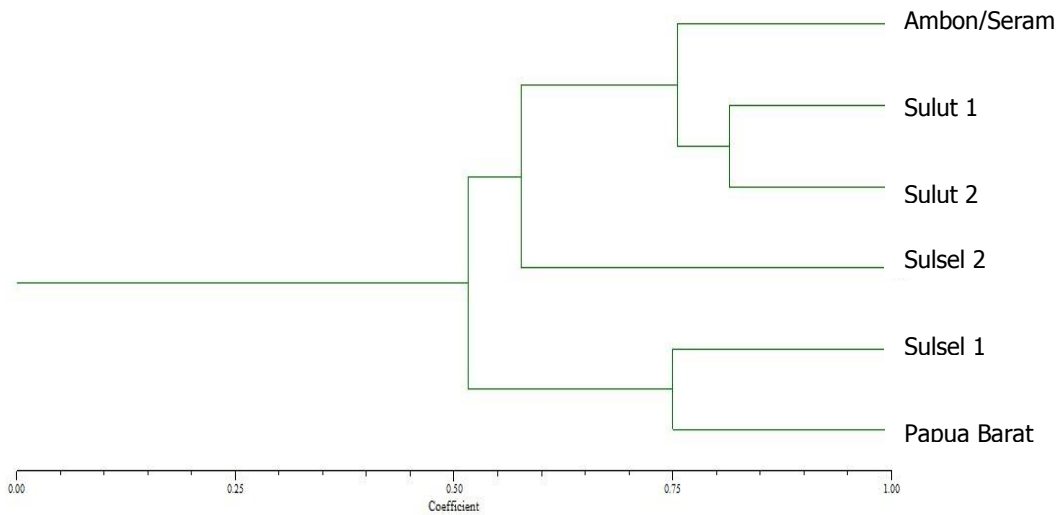
Species *longissima* dari Kepulauan Aru pertama kali dideskripsikan oleh Gestro (1885) sebagai *Oxycephala longissima*. Nama tersebut kemudian diubah menjadi *Brontispa* oleh Gressitt (1960). Sampel dari Kepulauan Aru tidak diteliti, tetapi sampel dari daerah dekat Aru, yaitu Ambon dan Seram digunakan dalam analisis fenotipe dan genetik. Hama *B. longissima* dari daerah asalnya, Kep. Aru, diduga masuk dan menyebar ke Sulut dan Sulsel. Hama *B. longissima* dilaporkan juga berasal dari Papua dan Papua New Guinea (Hassan, 1972 dalam Rethinam dan Singh, 2007). Berdasarkan hasil analisis dendogram, diduga populasi *B. longissima* asal Papua Barat menyebar ke Sulsel, sehingga sebagian mengelompok dengan sampel dari Ambon/Seram dan Sulut, sedangkan yang lain mengelompok dengan Papua Barat. Pemanfaatan data molekuler untuk mengungkap masuknya hama ke daerah lain merupakan informasi penting untuk Balai Karantina, contohnya hama *Diabrotica virgifera* dari Amerika Utara ke Eropa (Miller *et al.*, 2005).



Keterangan: A = Primer OPA 02; B = Primer OPT 02; C = Primer OPA 01; M = Marker 100 bp; 1 = sampel Ambon/Seram; 2 = sampel Sulsel 1; 3 = sampel Sulsel 2; 4 = sampel Papua Barat; 5 = sampel Sulut 1; 6 = sampel Sulut 2.

Note: A = Primer OPA 02; B = Primer OPT 02; C = Primer OPA 01; M = Marker 100 bp; 1 = sample from Ambon/Seram; 2 = sample from South Sulawesi 1; 3 = sample from South Sulawesi 2; 4 = sample from West Papua; 5 = sample from North Sulawesi 1; 6 = sample from North Sulawesi 2.

Gambar 2. Hasil elektroforesis pada 1,2% gel agarose.  
Figure 2. Result of electrophoresis on agarose gel 1.20 %.



Gambar 3. Gambar dendogram sampel dari SULUT, SULSEL, Ambon/Seram dan Papua Barat menggunakan gabungan tiga primer RAPD (OPA 02, OPT 02 dan OPA 01).  
 Figure 3. Dendogram of sample from North Sulawesi, South Sulawesi, Ambon/Seram and West Papua using three primer RAPD combination (OPA 02, OPT 02 and OPA 01).



Keterangan: Anak panah merah menunjukkan kemungkinan terbesar titik awal penyebaran ke daerah lain.  
 Note: The red arrow showed spreading probability of starting point to others area.

Gambar 4. Skenario penyebaran dari *B. longissima* berdasarkan analisis keragaman genetik menggunakan marka RAPD pada enam sampel imago *B. longissima* dari Ambon/Seram, SULUT, SULSEL dan Papua Barat. Anak panah menunjukkan kemungkinan terbesar titik awal penyebaran ke daerah lain.  
 Figure 4. Spreading of *B. longissima* based on genetic diversity analysis using RAPD marker of six sample of *B. longissima* imago origin from North Sulawesi, South Sulawesi, Ambon/Seram and West Papua.

Keragaman populasi pada suatu wilayah dapat disebabkan oleh perkawinan yang terjadi secara tidak acak, karena pergerakan yang terbatas dari satu populasi ke populasi lainnya (McCullough, 1996). Kondisi yang berlangsung cukup lama, dapat menyebabkan terbentuknya populasi yang beradaptasi pada lingkungan lokal dari sub-sub populasi yang terpisah, sehingga

kelompok ini akhirnya memiliki karakter genetik berbeda dengan kelompok asalnya (McCullough, 1996). Penyebaran diduga terjadi dengan bantuan manusia karena *B. longissima* memiliki kemampuan terbang yang terbatas (Zhang *et al.*, 2015; Zhang *et al.*, 2014). Penyebaran ke lokasi baru dapat terjadi melalui perpindahan tanaman kelapa



yang sudah terinfestasi *B. longissima* (Rethinam dan Singh, 2007). Data sejarah menunjukkan, ekspansi *B. longissima* ke beberapa propinsi di Indonesia dan negara Asia dan Pasifik tidak difasilitasi oleh kemampuan terbang (Takano *et al.*, 2011).

Marka DNA merupakan alat yang efektif untuk mengetahui taksonomi dan klasifikasi serta keragaman genetik serangga seperti hama penggerek jagung, ngengat *gypsy* (*Lymantia dispar*) dan *silkworms* (Moorthy *et al.*, 2013), nyamuk *Aedes aegypti*, dan *Kerria* (Homoptera, Tachardiidae) (Ranjan *et al.*, 2011). RAPD memiliki kelemahan antara lain hanya mengamplifikasi alel dominan, namun memiliki kelebihan, yaitu menghasilkan polimorfisme yang cukup tinggi, random sampling dalam genom total, tidak memerlukan informasi genetik awal, memerlukan DNA dalam jumlah sedikit, dan secara teknis cukup cepat dan mudah dilakukan (Jain *et al.*, 2010).

## KESIMPULAN

Hama *Brontispa longissima* yang berasal dari Sulut, Sulsel, Ambon/Seram, dan Papua Barat menunjukkan variasi karakter fenotipe (warna *elytra*). Hasil analisis RAPD menggunakan 3 primer polimorfik pada enam sampel *B. longissima* menunjukkan sampel mengelompok menjadi dua kelompok besar yaitu kelompok I, terdiri atas sampel Papua Barat dan Sulsel 2 dengan kemiripan sekitar 75%. Kelompok II terdiri atas sampel Ambon/Seram, Sulut 1, Sulut 2, dan Sulsel 1 dengan tingkat kemiripan sekitar 50%. sampel Sulut 1 dan Sulut 2 memiliki kemiripan tertinggi dengan nilai kemiripan > 80%.

Primer OPA 01 dapat digunakan untuk membedakan antar sampel. Variasi warna *elytra* (proporsi dan pola warna) tidak sepenuhnya sesuai dengan variasi genetik berdasarkan marka RAPD. Hama *B. longissima* pada kedua kelompok masih sulit dibedakan menggunakan karakter fenotipe warna *elytra*, tetapi harus ditunjang dengan pemanfaatan marka molekuler seperti marka RAPD.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian, Kementerian Pertanian atas dukungan dana, BPTP Maluku, BPTP Papua Barat dan Disbun Kabupaten Jeneponto atas dukungannya pada observasi dan koleksi hama *Brontispa longissima*, dan kepada

teknisi Laboratorium Hama dan Penyakit Balai Penelitian Tanaman Palma yang telah membantu pemeliharaan hama.

## DAFTAR PUSTAKA

- Acevedo, A.M.T., M.A.J. Torres, M.M.E. Manting, E. Sabado, A.R.C. Alfiler, and G. Demayo. 2014. Sex ratios of *Brontispa longissima* (Gestro) infesting coconuts in selected provinces in the Philippines. *Annals of Biological Research* 5(2): 111-116.
- Alouw, J.C. and M.L.A. Hosang. 2008a. Survei hama kumbang kelapa *Brontispa longissima* (Gestro) dan musuh alamnya di propinsi Sulawesi Utara. *Buletin Palma* 34: 9-17.
- Alouw, J.C. and M.L.A. Hosang. 2008b. Observasi musuh alami hama *Brontispa longissima* (Gestro) di Propinsi Maluku. *Buletin Palma* 35: 34-42.
- Anonim. 2009. Global Invasive Species Database. Species similar to *Brontispa longissima*. <http://www.issg.org/database/species/ecology.asp?si.1406> (diunggah pada 15 Agustus 2013).
- Giang, Ho Thi Thu dan S. Nakamura. 2009. The study on biological characteristics of *Brontispa longissima* (Gestro) (Coleoptera: Chrysomelidae). *Journal of Science Development* 7(2): 159-164.
- Gressitt, J.L. 1960. Papuan-West Polynesian Hispinae beetles (Chrysomelidae). *Pacific Insects* 2: 8-13.
- Jain, S., B. Neekhara, D. Pandey, K. Jain. 2010. RAPD marker system in insect study: a review. *Indian Journal of Biotechnology* 9(1): 7-12.
- Ma, C.L., H.L. Wu, H.Y. Hu, X. Wu, G.C. Ma, Y.G. Fu, and Z.Q. Peng. 2011. Isolation and characterization of eight polymorphic microsatellite loci for the coconut pest, *Brontispa longissima* (Coleoptera: Hispididae).
- Maulik, S. 1938. On the structures of larvae of hispine beetles. V (with a revision of the genus *Brontispa* Sharp). *Zoo. Soc. London Proc.* 108(B):49-71.
- McCullough, D.R. 1996. *Metapopulations and wildlife conservation*. Island Press. Covelo, California. 432 p.
- Miller, N., A. Estoup, S. Topepfer, D. Bourguet, L. Lapchin, S. Derridj, K.S. Kim, P. Reynaud, L. Furlan, and T. Guilemaud. 2005. Multiple transatlantic introductions of the Western Corn Rootworm. *Science* 310:1-4.

- Moorthy, S.M., N. Chandrakanth, A.S.K. Rao, V. Kumar, and K.B. Bindroo. 2013. Genetic diversity analysis using RAPD marker in some silkworm breeds of *Bombyx mori* L. *Annals of Biological Research* 4(12): 82-88.
- Staines, C.I. 2012. Catalog of the hispines of the world (Coleoptera: Chrysomelidae: Cassidinae). Tribe Cryptonychini. [http://entomology.si.edu/Collections\\_Coleoptera-Hispines.html](http://entomology.si.edu/Collections_Coleoptera-Hispines.html)). Diunggah pada tanggal 6 Juli 2012.
- Ranjan, S.K., C.B. Mallick, D. Saha, A.S. Vidyarthi, and R. Ramani. 2011. Genetic variation among species, races, forms and inbred lines of lac insects belonging to the genus *Kerria* (Homoptera, Tachardiidae). *Genetics and Molecular Biology* 34(3):511-519.
- Rethinam, P., and S.P. Singh. 2007. Current status of the coconut beetle outbreaks in the Asia-Pacific region. Pp 1-23. In Appanah, S., Sim, H.C, and Sankaran, K.V. (eds). *Developing an Asia-Pacific strategy for forest invasive species: the coconut beetle problem-bridging agriculture and forestry*. Report of the Asia-Pacific forest invasive species network workshop, 22-25 February 2005. Ho Chi Minh City, Viet Nam. FAO, RAP, Bangkok, Thailand.
- Tabikha, R.M., and I.A. Addis. 2016. Genetic and morphological variation among geographical populations of *Rhopalosiphum padi* (L.) (Homoptera: Aphididae) in Egypt, using RAPD and ISSR markers. *Mun. Ent. Zool* 11(2).
- Tabugo, S.R.M., M.A.J. Torres, L.F. Olowa, R.M.M. Sabaduquia, A.M. Acevedo, and C.G. Demayo. 2012. Elliptic Fourier Analysis in describing shape of the mandible of the larvae of the coconut leaf beetle *Brontispa longissima* Gestro, 1885 (Chrysomelidae: Hispinae) collected from Plants with varying degrees of damage. *International Research Journal of Biological Sciences* 1(8):19-26.
- Takano, Shun-Ichiro, A. Mochizuki, K. Konishi, K. Takasu, J.C. Alouw, D.S. Pandin, dan S. Nakamura. 2011. Two cryptic species in *Brontispa longissima* (Coleoptera: Chrysomelidae): evidence from mitochondrial DNA analysis and crosses between the two nominal species. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 104(2): 121-131. DOI: 10.1603/AN10106.
- Takano, Shun-Ichiro, A. Mochizuki, K. Takasu, K. Konishi, J.C. Alouw, D.S. Pandin, dan S. Nakamura. 2013. Rapid discrimination of two cryptic species within *Brontispa longissima* (Gestro) (Coleoptera: Chrysomelidae) by PCR-RFLP. *J. Pest Science* 86: 151-155. DOI: 10.1007/s10340-012-0474-6.
- Yamasitha, A., A. Winotai, and K. Takasu. 2008. Use of mature leaves of coconut palm and narrowleaf cattail for laboratory rearing of the coconut leaf beetle *Brontispa longissima*. *Bulletine Institute Tropical Agriculture, Kyushu University* 31:61-67.
- Zhang, Z.X., D. Cheng, X. Jiang, and H.H. Xu. 2014. Spread, damage and control methods of *Brontispa longissima*. *Entomological knowledge* 41: 522-526.
- Zhang, X., B. Tang, and Y. Hou. 2015. A rapid diagnostic technique to discriminate between two pests of palms, *B. longissima* and *Octodonta nipae* (Coleoptera: Chrysomelidae), for Quarantine applications. *Journal of Economy Entomology* 108(1): 95-99. DOI: 10.1093/jee/tou025.