

INTISARI

Kutu kebul, *Bemisia tabaci* (Gennadius), merupakan *cryptic species* kompleks yang tersebar hampir di seluruh dunia dan menjadi salah satu hama penting pada tanaman pertanian karena kisaran inang yang cukup luas serta perannya sebagai vektor dari berbagai virus tanaman. *B. tabaci* adalah serangga golongan Hemiptera yang berasosiasi dengan bakteri endosimbion untuk memenuhi kebutuhan nutrisi yang kurang dari pakannya. *B. tabaci* memiliki dua jenis endosimbion yakni primer dan sekunder. *Wolbachia* menjadi salah satu endosimbion sekunder yang paling banyak dikaji karena kemampuannya dalam memanipulasi reproduksi inang seperti menyebabkan inkompatibilitas sitoplasma (CI). Pada penelitian ini, populasi *B. tabaci* dikumpulkan dari 17 tempat berbeda di Indonesia (Jawa dan Sumatera) untuk diidentifikasi keragaman bakteri endosimbion menggunakan primer spesifik yang didasarkan pada gen 16S dan 23S rDNA. Karakterisasi *Wolbachia* meliputi penjajaran sekuen, analisis filogenetik, dan variasi genetik dilakukan pada dari 10 sampel perwakilan populasi *B. tabaci* dan membandingkannya dengan sekuen *Wolbachia* dari negara dan Arthropoda lainnya. Selain itu, pengaruh perlakuan antibiotik terhadap dinamika populasi endosimbion, khususnya *Wolbachia* juga diujikan. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa bakteri endosimbion yang teridentifikasi pada 17 sampel populasi *B. tabaci* adalah *Portiera*, *Arshenophonus*, *Cardinium*, *Hamiltonella*, *Wolbachia* and *Rickettsia*. *Wolbachia* terdapat pada semua sampel *B. tabaci*. Sementara itu bakteri endosimbion yang lain keberadaannya cukup bervariasi diantara semua sampel *B. tabaci*. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa *Wolbachia* asal Indonesia mempunyai clade yang berbeda dengan *Wolbachia* asal negara dan Arthropoda lain. Keragaman genetik *Wolbachia* dari 10 sampel populasi *B. tabaci* asal Indonesia meski tidak identik tapi cukup berkerabat dekat. Selain itu, perlakuan antibiotik amoxicillin dan gentamicin belum memberikan pengaruh terhadap dinamika keragaman maupun eliminasi bakteri endosimbion, termasuk *Wolbachia*.

Kata kunci: antibiotik, *B. tabaci*, endosimbion, keragaman genetik, *Wolbachia*

ABSTRACT

Bemisia tabaci is a cryptic species complex with a global distribution. It is an insect from the Hemiptera group that associates with endosymbiont bacteria to meet nutritional needs lacking in its food. *B. tabaci* has primary and secondary endosymbionts. *Wolbachia* is the most prevalent endosymbiont and causing reproductive manipulation, such as cytoplasmic incompatibility. The *B. tabaci* population was collected from 17 regions in Indonesia to determine the presence of bacterial endosymbiont by molecular analysis. The multiple alignment sequences, phylogenetic analysis, and genetic differentiation of *Wolbachia* in 10 representative populations of *B. tabaci* were built and compared with *Wolbachia* sequences from other countries and Arthropods. The effect of antibiotic treatment on the population dynamic of bacterial endosymbiont and *Wolbachia* was also tested. Results showed that the bacterial endosymbionts found among the *B. tabaci* populations were *Portiera*, *Arshenophonus*, *Cardinium*, *Hamiltonella*, *Wolbachia*, and *Rickettsia*, with varying distributions. The phylogenetic analysis revealed that *Wolbachia* from Indonesia has a different clade from *Wolbachia* from other countries and Arthropods. The genetic diversity of *Wolbachia B. tabaci* from Indonesia was not identical but closely related. Additionally, the antibiotic treatment using amoxicillin and gentamicin did not have any effect on the removal of bacteria endosymbiont, including *Wolbachia*.

Keywords: antibiotic, *B. tabaci*, endosymbiont, genetic diversity, *Wolbachia*