

VARIASI GENETIK KUMBANG PALEM ASIA (*Rhynchophorus vulneratus* Panzer, 1798) DI YOGYAKARTA MENGGUNAKAN INTER SIMPLE SEQUENT REPEAT

Canavalia Wedelia Arfentri

21/489729/PBI/01797

INTISARI

Kumbang palem asia (*Rhynchophorus vulneratus* Panzer, 1798) merupakan salah satu hama tanaman produksi yang paling berpengaruh, salah satunya pada tanaman kelapa (*Cocos nucifera*) yang merupakan produk paling besar produksinya di Yogyakarta, Indonesia. Akan tetapi penelitian mengenai kejelasan taksonomi *R. vulneratus* belum banyak dilakukan, khususnya analisis variasi genetiknya. Oleh karena itu perlu dilakukan penelitian dengan analisis variasi genetik menggunakan penanda ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) serta perbandingannya dengan polimorfisme berdasarkan karakter morfologisnya pada penelitian sebelumnya. Penelitian ini dilakukan pada bulan Agustus sampai Oktober 2023 di Fakultas Biologi, UGM, menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction-ISSR* dengan aplikasi *Multivariate Statistical Package* (MVSP) untuk membuat dendrogram dan matriks similaritas dengan *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average* (UPGMA) dan koefisien *Jaccard* untuk analisis data yang dihasilkan dari visualisasi elektroforesis. Hasil menunjukkan bahwa metode PCR-ISSR dapat digunakan untuk deteksi polimorfisme pada *R. vulneratus*. Hasilnya polimorfisme pada *R. vulneratus* sangat tinggi yaitu pita DNA 100% polimorfik, menunjukkan tingginya diversitas pada morf *R. vulneratus*: *rusty red*, *red stripe*, dan *intermediate*. Variasi fenotipe dan variasi genotipe sangat mirip yaitu dengan adanya 3 morf dan adanya 3 kluster pada dendrogram, namun tiga individu dalam morf *intermediate* masuk dalam kluster *rusty red*. Individu-individu *intermediate* tersebut berdasarkan karakter morfologisnya terbukti sedikit berbeda dengan *rusty red*, sehingga polimorfisme berdasarkan karakter morfologisnya berbeda dengan polimorfisme berdasarkan karakter genetik.

Kata kunci: Polimorfisme, diversitas genetik, ordo Coleoptera, PCR-ISSR, biodiversitas.

GENETIC VARIABILITY OF ASIATIC PALM WEEVIL (*Rhynchophorus vulneratus* Panzer, 1798) USING INTER SIMPLE SEQUENCE REPEAT IN SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA

Canavalia Wedelia Arfentri
21/489729/PBI/01797

ABSTRACT

Asiatic palm weevil-APW (*Rhynchophorus vulneratus* Panzer, 1798) is one of the most damaging pests of production plants, one of these plants is the coconut plant (*Cocos nucifera*) as the highest production of coconut fruit from one region in Indonesia, Special Region of Yogyakarta. Nevertheless, there is not enough research on the clarity of APW taxonomy, especially to analyze the genetic identity. So it is important to investigate the genetic diversity using the Inter Simple Sequence Repeat marker and its relation with morphometric polymorphism in the previous research. This research was conducted from August to October 2023 in the Faculty of Biology, UGM using the PCR-ISSR method with MVSP applications to generate a dendrogram, and a similarity matrix that was used to analyze the data obtained from the visualization using electrophoresis and gel doc. Our results suggest that PCR-ISSR can be used on APW to detect polymorphism, high polymorphisms (100%) were produced, indicating high diversity among APW morphs: rusty red, red stripe, and intermediate. Phenotypic variation and genotypic variation were similar, and no effect of different elevations on the collected insect. Similar to phenotypic variation with three morphs, there were three clades from the dendrogram generated by MVSP using UPGMA with the Jaccard coefficient, but three intermediate individuals were in the rusty red-clade. Morphologically these intermediate individuals were a little bit different with rusty red morphology, so morphologic polymorphisms are not the same with genetic polymorphisms.

Keywords: Polymorphism, genetic diversity, order Coleoptera, PCR-ISSR, biodiversity.