

DETEKSI DAN IDENTIFIKASI MOLEKULER ENDOSIMBION *Wolbachia* PADA *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae)

Aisyah Atikah

16/404948/PMU/08835

INTISARI

Wolbachia merupakan salah satu bakteri endosimbion sekunder pada *Bemisia tabaci* yang berpotensi menjadi agen pengendali hama karena memiliki kemampuan untuk memanipulasi reproduksi inangnya. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi keberadaan, keragaman, dan kekerabatan *Wolbachia* pada *B. tabaci* yang ditemukan di beberapa lokasi pertanian di Pulau Jawa dan Nusa Tenggara Barat. Sampel diambil dari 27 populasi *B. tabaci* di 15 kota di pulau Jawa dan Nusa Tenggara Barat. Dilakukan ekstraksi DNA pada komposit 10 imago dari masing-masing populasi *B. tabaci*. Deteksi *Wolbachia* berbasis PCR dilakukan dengan mengamplifikasi gen *Wolbachia surface protein* (*wsp*) menggunakan primer 81F dan 691R. Identifikasi supergrup *Wolbachia* dilakukan menggunakan primer 136F dan 691R untuk supergrup A dan 81F dan 522R untuk supergrup B. Dilakukan peruntukan nukleotida gen *wsp* dan *gatB* pada lima sampel sebagai perwakilan. Urutan nukleotida gen *wsp* dan *gatB* disejajarkan untuk melihat keragaman genetiknya. Pohon filogenetika dibuat berdasarkan urutan nukleotida gen *wsp* dan *gatB* dibandingkan dengan sejumlah data urutan nukleotida *Wolbachia* dari *genebank*. *Wolbachia* terdeteksi pada 26 dari 27 sampel dan hanya infeksi tunggal *Wolbachia* supergrup B yang ditemukan. Hasil pensejajaran urutan nukleotida gen *wsp* dan *gatB* menunjukkan tidak adanya keragaman genetik pada *Wolbachia* yang ditemukan. Hasil analisis filogenetika berdasarkan gen *wsp* menunjukkan bahwa *Wolbachia* yang ditemukan pada penelitian ini berkerabat dekat dengan *Wolbachia* dari *B. tabaci* asal Thailand dan *Wolbachia* dari *Diphorina citri* asal Malaysia dan Cina, sedangkan berdasarkan gen *gatB* *Wolbachia* yang ditemukan pada penelitian ini berkerabat dekat dengan *Wolbachia* dari *B. tabaci* asal Cina. Populasi *B. tabaci* yang ditangkap dari Pulau Jawa dan NTB terdeteksi mengandung *Wolbachia* supergrup B dengan keragaman genetik yang seragam dan berkerabat dekat dengan *Wolbachia* dari *B. tabaci* dan *D. citri*.

Kata Kunci: analisis filogenetika; deteksi berbasis PCR; *gatB*; supergrup *Wolbachia*; *wsp*;

MOLECULAR DETECTION AND IDENTIFICATION OF *Wolbachia* IN *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae)

Aisyah Atikah

16/404948/PMU/08835

ABSTRACT

Wolbachia is one of the secondary endosymbiont bacteria naturally harbored in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) which has the potential to be a pest control agent because its ability to manipulate its host reproduction system. This study aims to detect the presence, diversity, and relationship of *Wolbachia* in *B. tabaci* found in several agricultural locations on Java and West Nusa Tenggara. Samples were taken from 27 *B. tabaci* populations in 15 cities on Java and West Nusa Tenggara. DNA extraction was performed on 10 imago composites from each *B. tabaci* population. PCR-based detection *Wolbachia* was carried out by amplifying the *Wolbachia* surface protein (*wsp*) gene using 81F and 691R primers. The identification of *Wolbachia* supergroup was carried out using 136F and 691R primers for supergroup A and 81F and 522R for supergroup B. Nucleotide sequencing of *wsp* and *gatB* genes were carried out in five populations as representatives. The nucleotide sequences of *wsp* and *gatB* genes were aligned to see their genetic diversity. Phylogenetic trees were constructed based on the nucleotide sequences of the *wsp* and *gatB* genes compared to a number of nucleotide sequence data from genebank. *Wolbachia* was detected in 26 of 27 samples and only a single infection of *Wolbachia* supergroup B was found. The results of the alignment of the nucleotide sequences of *wsp* and *gatB* genes show that there is not genetic diversity of *Wolbachia* found in this study. The results of phylogenetic analysis showed that *Wolbachia* found were closely related to *Wolbachia* in *B. tabaci* from Thailand and *Wolbachia* in *Diphorina citri* from Malaysia and China, while based on the *gatB* gene were closely related to *Wolbachia* in *B. tabaci* from China. The populations of *B. tabaci* in this study were detected to harbour *Wolbachia* supergroup B with uniform genetic diversity and closely related to *Wolbachia* from *B. tabaci* and *D. citri*.

Keywords: *gatB*; PCR-based detection; phylogenetic analysis; *Wolbachia* supergroup; *wsp*;