Identifikasi Molekuler Kutu Kebul Di Kecamatan Landasan Ulin, Kalimantan Selatan

Molecular Identification of Whitefly in Landasan Ulin District, South Kalimantan

Siti Cahaya, Dewi Fitriyanti, Muslimin S
Prodi Proteksi Tanaman Jurusan HPT Fakultas Pertanian ULM
Coresponden Author: ayumilasari36@gmail.com

Received: 20 Juli 2025; Accepted 1 Februari 2026; Published 01 Februari 2026

ABSTRACT

Whitefly is one of the important pests in horticultural crops such as cayenne pepper that causes direct and indirect damage. Accurate identification of this species is very important in supporting the right pest control strategy. This study aims to identify the genetic diversity of whitefly that attacks cayenne pepper plants in Landasan Ulin District, South Kalimantan, using a molecular identification method based on Polymerase Chain Reaction (PCR) and genetic sequence analysis. Whitefly imago samples were collected from cayenne pepper agricultural fields, then DNA extraction, COI (Cytochrome Oxidase I) gene amplification were carried out then verification of PCR results through electrophoresis, and DNA sequencing analysis. The electrophoresis results showed that the amplified DNA band was in the range of ~700 bp. The results of BLAST analysis showed that the whitefly sample from Landasan Ulin had a 100% similarity level with B. tabaci isolates of biotype Asia I from India and Vietnam and was genetically different from B. tabaci populations in other regions in Indonesia even though they were classified as the same biotype, and different from other biotypes such as MEAM1 (B), MED (Q), SSA1, and SSA2. Thus, it can be concluded that the whitefly that attacks cayenne pepper in Landasan Ulin District belongs to the biotype Asia I, which has significant genetic differences with populations from other regions in Indonesia.
Keywords: Asia I biotype, cayenne pepper, CO1, Identification, Whitefly

ABSTRAK

Kutu kebul merupakan salah satu hama penting pada tanaman hortikultura seperti cabai rawit yang menyebabkan kerusakan langsung maupun tidak langsung, Identifikasi yang akurat terhadap spesies ini sangat penting dalam menunjang strategi pengendalian hama yang tepat. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman genetik kutu kebul yang menyerang tanaman cabai rawit di Kecamatan Landasan Ulin, Kalimantan Selatan, menggunakan metode identifikasi molekuler berbasis Polymerase Chain Reaction (PCR) dan analisis sekuens genetik. Sampel imago kutu kebul dikumpulkan dari lahan pertanian cabai rawit, kemudian dilakukan ekstraksi DNA, amplifikasi gen COI (Cytochrome Oxidase I) kemudian verifikasi hasil PCR melalui elektroforesis, dan analisis sekuensing DNA. Hasil elektroforesis menunjukkan bahwa pita DNA teramplifikasi pada kisaran ~700 bp. Hasil analisis BLAST menunjukkan bahwa sampel kutu kebul dari Landasan Ulin memiliki tingkat kemiripan (similaritas) 100% dengan isolat B. tabaci biotipe Asia I dari India dan Vietnam dan secara genetik berbeda dari populasi B. tabaci di wilayah lain di Indonesia meskipun tergolong dalam satu biotype yang sama, dan berbeda dengan biotipe lain seperti MEAM1 (B), MED (Q), SSA1, dan SSA2. Sehingga, dapat disimpulkan bahwa kutu kebul yang menyerang cabai rawit di Kecamatan Landasan Ulin termasuk dalam biotipe Asia I, yang memiliki perbedaan genetik signifikan dengan populasi dari wilayah lain di Indonesia.

Kata kunci: Biotipe Asia I, cabai rawit, CO1, Identifikasi, Kutu Kebul

Pendahuluan

Tanaman cabai rawit (Capsicum frutescens L.) adalah salah satu tanaman komoditas hortikultura dari famili Solanaceaee (terong-terongan) yang memiliki nilai ekonomi yang tinggi dan berfluktuasi (Cahyono, 2003). Tanaman cabai rawit merupakan jenis tanaman perdu yang memiliki kayu, bercabang, dan tumbuhnya yang tegak. Cabai rawit dapat tumbuh dengan baik pada dataran tinggi maupun dataran yang rendah dan juga dapat tumbuh baik pada curah hujan yang rendah maupun tinggi dengan suhu berkisar 25-32°C (Alif, 2017). Produksi cabai rawit menurut Badan Pusat Statistik (BPS) 2025, pada Provinsi Kalimantan Selatan tahun 2023 memiliki angka 132.550,71 (kuintal) dan pada tahun 2024 mengalami penurunan menjadi 125.753,72 (kuintal).

Hama merupakan salah satu penyebab yang dapat merusak pada tanaman, salah satunya adalah tanaman cabai rawit. Menurut Purnomo & Sudiono (2009) salah satu hama yang merugikan tanaman cabai adalah kutu kebul. Kutu kebul merupakan hama yang bersifat polifag, karena dapat menyerang berbagai jenis sayuran serta buah-buahan dan tanaman liar. Kutu kebul dapat berkembangbiak dengan baik pada tanaman dari famili Solanaceaee. Serangga ini dapat menimbulkan kerusakan langsung pada tanaman dengan menghisap cairan makanan (Van de Ven et al., 2000).

Identifikasi hama yang tepat, cepat, dan akurat dapat membantu pengendalian yang efektif untuk segera dilakukan. Menurut Indriati & Hidayat (2023) identifikasi adalah proses (cara) pemberian nama pada suatu individu atau sekelompok individu. Penamaan spesies mengacu pada sistem pemberian nama ilmiah (scientific name) berupa binomial name, yaitu penggabungan dua kata yang mencirikan sifat dari individu yang diberi nama.

Salah satu permasalahan utama dalam pengendalian hama ini adalah adanya kesulitan dalam identifikasi morfologinya. Karena sesuai dengan yang disebutkan Pramudi et al. (2013) bahwa kesalahan atau kesulitan dalam identifikasi serangga secara morfologi itu dapat terjadi. Sedangkan Indriati & Hidayat (2023) mengatakan bahwa teknik identifikasi yang akurat itu merupakan kunci yang penting dalam penentuan suatu tindakan pengendalian hama yang efektif.

Untuk mengatasi hal ini, identifikasi molekuler menggunakan teknik PCR menjadi metode yang lebih unggul dan akurat. Menurut López-Rubio et al. (2016) dalam Fitri (2024) identifikasi molekuler itu merupakan identifikasi yang menggunakan sekuens DNA dan dikenal dengan istilah DNA barcoding. Metode DNA barcoding merupakan pendekatan identifikasi spesies yang berbasis pada marka molekuler, mengacu pada sekuens DNA spesifik. Prinsip dasar dari metode ini adalah bahwa setiap spesies memiliki identitas genetik yang unik, mencirikan secara khusus spesies tersebut.

Polymerase Chain Reaction (PCR) secara bahasa diartikan sebagai reaksi berantai yang melibatkan aktivitas enzim DNA polimerase. Namun secara istilah PCR diterjemahkan sebagai suatu teknik perbanyakan (amplifikasi) sekuen asam nukleat secara in vitro (di dalam tabung) menggunakan polimerisasi berulang dari sekuen DNA, yang melibatkan kerja enzim DNA polimerase (Suprayogi, et al., 2021).

Di indonesia terdapat beberapa spesies kutu kebul, tetapi tidak mudah untuk dibedakan karena kemiripan morfologi dan ukuran yang kecil. Dari hasil penelitian Yuliani (2008) diperoleh empat spesies kutu kebul yang menyerang tanaman cabai, tomat dan kedelai di Bogor, Cianjur dan Sukabumi, yaitu Bemisia tabaci, Aleurodicus dispersus, Trialeurodes vaporariorum, dan Dialeurodes sp. Salah satu spesies yang penting adalah B. tabaci. Diduga di Indonesia hingga kini terdapat dua jenis B. tabaci yaitu biotipe A dan biotipe B (Hidayat, et al., 2004). Sampai saat ini diketahui ada sekitar 20 biotipe kutu kebul yang telah diidentifikasi dan

sebagian biotipe tersebut memiliki kisaran inang dan daerah distribusi yang terbatas, tetapi sebagian besar lainnya, terutama biotipe B, memiliki distribusi yang luas (Bedford et al., 1994 dalam Sudiono & Yasin, 2006). Penentuan biotipe B juga didasarkan pada kemampuan berkembangbiak kutu kebul yang tinggi, daya tahan terhadap beberapa insektisida (Bellotti & Arias, 2001).

Beberapa masalah yang terkait di atas, peneliti ingin melakukan pengidentifikasian terhadap hama kutu kebul yang terdapat pada tanaman cabai rawit pada salah satu kebun cabai milik salah satu warga di Kecamatan Landasan Ulin, Kalimantan Selatan. Dengan identifikasi molekuler menggunakan teknik Polymerase Chain Reaction (PCR), dapat diketahui secara spesifik biotipe atau spesies kutu kebul yang menyerang tanaman cabai rawit di wilayah tersebut. Informasi ini dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik dan kekerabatan genetik kutu kebul yang menyerang tanaman cabai rawit di wilayah Kecamatan Landasan Ulin, Kalimantan Selatan dengan wilayah atau daerah lain di seluruh dunia berdasarkan data yang tersedia pada web NCBI sebagai pembanding, sehingga dapat membantu pengembangan strategi pengendalian yang lebih tepat dan sesuai.

Metode Penelitian

Penelitian dilaksanakan pada bulan Juni 2025. Pengambilan sampel bertempat di salah satu kebun cabai rawit milik warga di Jln. Trikora, Landasan Ulin, Kota Banjarbaru, Kalimantan Selatan. Ekstraksi DNA, PCR amplifikasi dan verifikasi hasil PCR dilaksanakan di Laboratorium Fitopatologi Jurusan Hama dan Penyakit Tumbuhan Fakultas Pertanian Universitas Lambung Mangkurat, Banjarbaru. Lalu sekuensing DNA dilakukan di PT. Genetika Science Indonesia, Jakarta.

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode sampling. Sampel kutu kebul diambil pada pertanaman cabai yang ada di kebun milik salah satu warga di Jln. Trikora, kec. Landasan Ulin, Kalimantan Selatan. Metode sampling yang dilakukan dengan melihat dan mengamati mengenai hama kutu kebul yang ada di lapangan dan mengambil sampel yang sesuai dengan target. Selanjutnya dilakukan dokumentasi dan identifikasi sampel di Laboratorium.

Persiapan Penelitian

Pengambilan Sampel Kutu Kebul

Serangga kutu kebul dikumpulkan dari pertanaman cabai yang terserang hama kutu kebul di lahan pertanian milik salah satu warga di Jl. Trikora, Kec. Landasan Ulin, Kalimantan Selatan dan disimpan ke dalam botol kaca vial 10 ml. Selanjutnya kutu kebul disimpan ke dalam kulkas. Serangga kutu kebul yang berhasil dikumpulkan digunakan untuk identifikasi secara molekuler dengan teknik PCR dan Skuensing Genome.

Pelaksanaan Penelitian

Ekstraksi DNA dari Kutu Kebul

Sebanyak 2 individu imago kutu kebul dimasukkan ke dalam tabung Eppendorf berisi 200 µl GP1 buffer dan menambahkan 5 µl Rnase untuk di gerus. Proses penggerusan dilakukan dengan mikropistil untuk menghancurkan jaringan serangga. Setelah penggerusan sampel dihomogenkan dengan cara di vorteks selama 1 menit, setelah itu sampel dan pre-heat elution buffer diinkubasi pada suhu 60°C selama 10 menit dalam waterbath dengan sampelnya dibolak-balik setiap 5 menit. Proses ini membantu melisiskan sel untuk melepaskan DNA.

Setelah inkubasi, 50 µl GP2 buffer ditambahkan ke dalam campuran, kemudian di vorteks, dan inkubasi dalam es selama 3 menit. Campuran sampel yang telah lisis dipindah kedalam filter column, kemudian disentrifugasi pada kecepatan 1,3 rpm selama 1 menit. Kemudian lapisan Supernatan dipindahkan ke tabung Eppendorf 1,5 ml yang baru, lalu ditambahkan 1,5

volume GP3 buffer (300 µl), kemudian di vorteks selama 5 detik untuk memastikan pengikatan DNA. Sampel dimasukkan ke GD column dalam collection tube 2 ml, Pengikatan DNA dilakukan dengan GD column dalam collection tube 2 ml, dan campuran supernatan disentrifugasi selama 2 menit pada kecepatan 4,6 rpm. Setelah sentrifuse, supernatan dibuang dan GD column ditempatkan kembali ke dalam tabung 2 ml. Pada tahap pencucian column, Buffer W1 sebanyak 200µl ditambahkan ke dalam GD column dan disentrifugasi selama 30 detik pada kecepatan 4,6 rpm untuk mencuci column dan menghilangkan kontaminan. Lalu dicuci lagi menggunakan Wash Buffer sebanyak 300 µl yang ditambahkan ke dalam GD column dan disentrifugasi dengan kecepatan dan waktu yang sama, pencucian menggunakan Wash Buffer dilakukan sebanyak 2 kali. Setelah supernatan dibuang, sentrifugasi kembali sampel dalam GD column dalam keadaan kering dengan kecepatan 4,6 rpm selama 3 menit. Setelah itu tube 2 ml dibuang dan GD column dipindah ke tabung effendorf 1,5 ml. Terakhir, DNA diekstraksi dengan menambahkan 50 µl pre-heated elution buffer ke dalam GD column, diamkan selama 3-5 menit, dan kemudian disentrifuse selama 30 detik pada kecepatan 4,6 rpm.

Persiapan PCR untuk Amplifikasi Gen CO1

DNA hasil ekstraksi digunakan sebagai template dalam reaksi PCR menggunakan primer universal mitokondria CO1, seperti LCO1490 dan HCO2198. Reaksi PCR dilakukan dengan total volume 20 µl yang terdiri dari master mix PCR 10 µl, primer forward dan reverse masing-masing 1 µl (konsentrasi 10 pmol), DNA template (dNTPs) 2 µl, dan 6 µl nuklease freewater (DH_2O). Lalu di PCR menggunakan mesin PCR, tahapan program mesin PCR dimulai dengan pre-denaturasi pada suhu 94°C selama 3 menit, dilanjutkan dengan 35 siklus denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik persiklus, annealing pada suhu 48–52°C dengan 35 siklus selama 45 detik persiklus, dan ekstensi pada 72°C dengan 35 siklus selama 30 detik persikulus. Ekstensi akhir dilakukan pada 72°C selama 7 menit.

Verifikasi Hasil PCR melalui Elektroforesis dan Visualisasi UV

Dalam kegiatan verifikasi hasil PCR langkah yang harus dilakukan terlebih dahulu yaitu pembuatan gel agarose 1%, dengan cara menimbang sebanyak 0,60 gram bubuk agarose kemudian dicampurkan ke dalam gelas ukur 250 ml yang berisi cairan TBE 1x sebanyak 60 ml, lalu di homogenkan dengan dipanaskan menggunakan hot plate sampai larutan gel agarose menjadi bening tanpa ada gumpalan gelembung sekecil apapun. Setelah larut sepenuhnya, larutan gel agarose 1% dalam keadaan panas dicetak menggunakan cetakan khusus gel agarose yang sudah dilengkapi sisir yang berfungsi untuk membentuk sumuran pada gel agarose sebagai tempat memuat sampel DNA, lalu didinginkan hingga larutan agarose mengeras membentuk gel. Setelah itu dimasukkan marker DNA ladder sebanyak 5 µl pada sumuran paling kiri, lalu sampel DNA hasil PCR pada sumuran selanjutnya sebanyak 4 µl. Sampel DNA hasil amplifikasi PCR diperiksa melalui elektroforesis gel agarose 1% yang direndam di dalam cairan buffer TBE 1x selama 1 jam dan diwarnai dengan florosave. Florosave memberikan kemudahan dalam visualisasi DNA yang terbaca lebih jelas dibandingkan dengan metode tradisional menggunakan etidium bromida. Setelah direndam gel diletakkan ke dalam transilluminator ultraviolet (UV) untuk mengamati garis pita DNA diatas lampu UV. Hasil visualisasi pita DNA didokumentasikan menggunakan kamera handphone. Lalu untuk sampel DNA yang pitanya jelas dan tunggal dikirim bersama primer CO1 (LCO1490 dan HCO2198) ke laboratorium

sekuensing komersial PT. Genetika Science, Jakarta untuk sekuensing atau penentuan urutan DNA.

Analisis dan Identifikasi Spesies

Hasil sekuensing yang diperoleh dimodifikasi menggunakan perangkat lunak bioinformatika seperti software MEGA 11 untuk penyuntingan, penjajaran (alignment), dan analisis filogenetik. Identifikasi spesies dilakukan dengan mencocokkan atau membandingkan sekuens hasil PCR ke database GeneBank menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) pada situs NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/). Selanjutnya, hubungan kekerabatan antar isolat dianalisis menggunakan metode Neighbor-Joining sebanyak 1000x bootstrap, dan visualisasi hubungan tersebut dilakukan dalam bentuk pohon filogenetik (*phylogenetic tree*) dan tabel persentase homology.

Hasil dan Pembahasan

Identifikasi Kutu Kebul Secara Langsung

Identifikasi kutu kebul secara langsung dilakukan dengan pengamatan secara langsung kutu kebul yang berada pada permukaan daun tanaman cabai (Gambar 1A.) dan pengamatan melalui mikroskop kamera digital USB (Gambar 1B.). Pengamatan visual kutu kebul secara langsung di lapangan terlihat kutu kebul tampak melekat pada permukaan daun cabai dengan bentuk tubuh kecil, berwarna putih kekuningan, dan bersayap. Sayap kutu kebul pada saat diam di permukaan daun terlihat berbentuk seperti huruf "V". Pernyataan ini sesuai dengan hasil penelitian Amalia, et al. (2023) bahwa serangga dewasa kutu kebul yang diamatinya memiliki sayap yang ditutupi oleh serbuk/tepung, tubuh berwarna putih kekuningan, ukuran tubuh sekitar 2-3 mm. Tubuhnya rapuh, menyerupai ngengat, serta sayap depan dan belakang berukuran hampir sama. Saat hinggap sayap dilipat seperti huruf "V".

Lokasi pengamatan ini dilakukan di kebun tanaman cabai rawit milik salah satu warga di Jln. Trikora, Landasan Ulin, Kota Banjarbaru, Kalimantan Selatan dengan titik koordinat Lat -3.481877, Long 114.796776 sebagaimana ditunjukkan oleh metadata GPS pada dokumentasi gambar. Pengamatan sekaligus pengambilan sampel ini dilakukan pada siang hari, karena menurut Sihombing (2024) pengambilan sampel lebih baik dilakukan pada pagi sampai menjelang siang hari dikarenakan pada saat itu mortalitas kutu kebul lebih tinggi untuk muncul pada permukaan daun dan memudahkan peneliti dalam mengidentifikasi.

A B

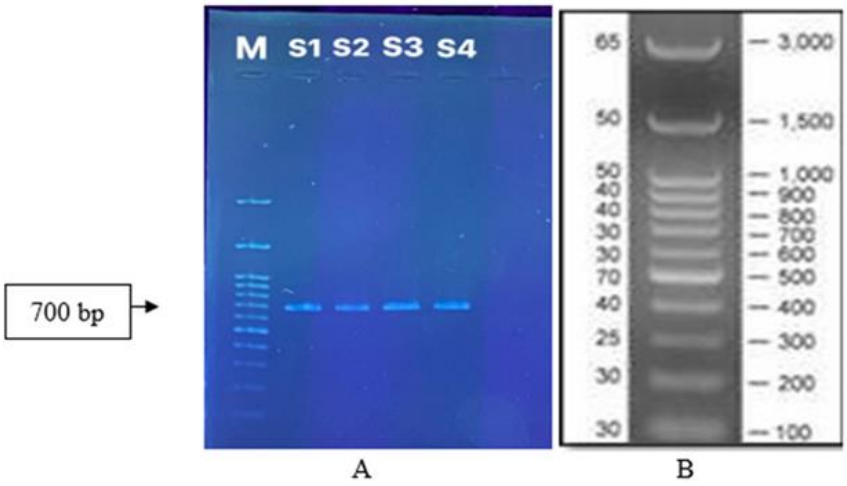
Gambar 1. Identifikasi Kutu Kebul Secara Langsung. A. Kutu Kebul Pada Permukaan Tanaman Cabai, B. Kutu Kebul Menggunakan Mikroskop Kamera Digital USB. (Dokumentasi Pribadi).

Untuk memperoleh kejelasan dalam mengenali ciri khas spesies dari sampel yang akan diidentifikasi lebih lanjut maka dilakukan pengamatan lanjutan di bawah mikroskop menggunakan mikroskop kamera digital USB. Gambar mikroskopis (Gambar 1B.) menunjukkan morfologi kutu kebul dengan lebih jelas, tubuh berwarna kuning pucat dengan dua pasang sayap putih transparan, bentuk tubuh kecil oval

memanjang dengan perkiraan ukuran panjang 1-1,5 mm. Terlihat juga sepasang antenna yang terletak di bagian anterior kepala, dan mata majemuk menonjol di kedua sisi kepala. Tungkai kutu kebul dari sampel ini juga terlihat jelas, terdiri dari tiga pasang berwarna putih pucat, dengan abdomen yang berbentuk oval dengan ujung abdomen meruncing. Menurut hasil penelitian Bestari (2023), morfologi imago kutu kebul yang diidentifikasinya menggunakan mikroskop digital dengan perbesaran 500x juga memiliki ukuran tubuh imago yang mencapai 1 mm. Bagian tubuh kutu kebul yang diamatinya juga terdiri dari sayap yang transparan, antena, mata, tungkai, dan abdomen yang memiliki ujung meruncing.

Verifikasi Hasil PCR DNA Kutu Kebul

Pada penelitian ini DNA hasil ekstraksi individu kutu kebul diamplifikasi menggunakan primer universal CO1 (Cytochrome Oxidase I) yaitu LCO1490 yang berfungsi sebagai primer forward dengan urutan sekuens GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG dan HCO2198 yang berfungsi sebagai primer reverse dengan urutan sekuens TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA. Kedua primer ini pertama kali diperkenalkan oleh Folmer et al. (1994) dan menjadi standar dalam studi DNA barcoding serangga karena mampu mengamplifikasi fragmen DNA sepanjang ~709 bp dari wilayah konservatif gen CO1. Hasil amplifikasi dianalisis menggunakan elektroforesis gel agarosa 1,5% dengan pewarna DNA yang divisualisasikan di bawah sinar UV.



Gambar 2. Hasil amplifikasi DNA kutu kebul. A. Gambar pita DNA pada gel elektroforesis, B. DNA marker (DNA ladder 100bp) pembanding ukuran pita 100 bp-3000 bp (Dokumentasi Pribadi)

Berdasarkan hasil elektroforesis (Gambar 2A.), tampak bahwa pita DNA yang jelas pada semua sampel (lajur S1-S4) dengan ukuran sekitar 700 bp (sesuai dengan target amplifikasi gen CO1 pada kutu kebul). Lajur paling kiri adalah DNA marker atau penanda ukuran (DNA ladder), yang menunjukkan ukuran pita pembanding dari 100 bp hingga 3000 bp sebagaimana contohnya (Gambar 2B.). Seluruh sampel yang menunjukkan pita pada kisaran 700 bp menunjukkan bahwa amplifikasi berhasil dan DNA kutu kebul berhasil terdeteksi. Tidak terdapat pita tambahan atau smear (kabur) yang menandakan bahwa reaksi PCR cukup spesifik dan bersih. Keberadaan pita DNA pada

kisaran 700 bp menunjukkan bahwa DNA kutu kebul berhasil diamplifikasi menggunakan primer CO1. Gen CO1 (cytochrome oxidase subunit I) merupakan gen mitokondria yang umum digunakan sebagai penanda molekuler (DNA barcoding) untuk identifikasi spesies serangga, termasuk kutu kebul (Frohlich et al., 1999).

Analisis BLAST

Analisis BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) merupakan metode yang digunakan untuk membandingkan sekuens DNA sampel dengan database sekuens DNA yang tersedia di GenBank (NCBI). Dalam penelitian ini, gen yang digunakan adalah gen CO1 (Cytochrome Oxidase subunit 1), yang merupakan gen mitokondria umum digunakan untuk identifikasi spesies serangga, termasuk kutu kebul (Hebert et al., 2003).

Berdasarkan hasil analisis BLAST terhadap gen CO1, sampel Bemisia tabaci dari Landasan Ulin, Kota Banjarbaru, menunjukkan tingkat similaritas tertinggi sebesar 100% terhadap isolat B. tabaci biotipe Asia I yang berasal dari India (kode akses OQ706117.1) dan Vietnam (PQ351186.1) (Tabel 3.). Hal ini menunjukan bahwa populasi B. tabaci dari Landasan Ulin tergolong dalam biotipe Asia I. Sementara itu, jika dibandingkan dengan isolat dari wilayah lain di Indonesia seperti Bogor, Yogyakarta, Sumatera Barat, Malang, Jawa Tengah, dan Bali, tingkat similaritasnya hanya mencapai 28%, menunjukkan perbedaan genetik yang signifikan. Dibandingkan dengan biotipe lainnya seperti Asia II-1, Asia II-5, MEAM1 (B), MED (Q), SSA1, SSA2, dan New World (A), tingkat similaritas hanya berkisar antara 30%–33%, yang juga menunjukkan bahwa sampel tersebut tidak berkerabat dekat dengan kelompok-kelompok tersebut.

Tabel 1. Similaritas B. tabaci asal Landasan Ulin Kota Banjarbaru terhadap B. tabaci dalam database NCBI

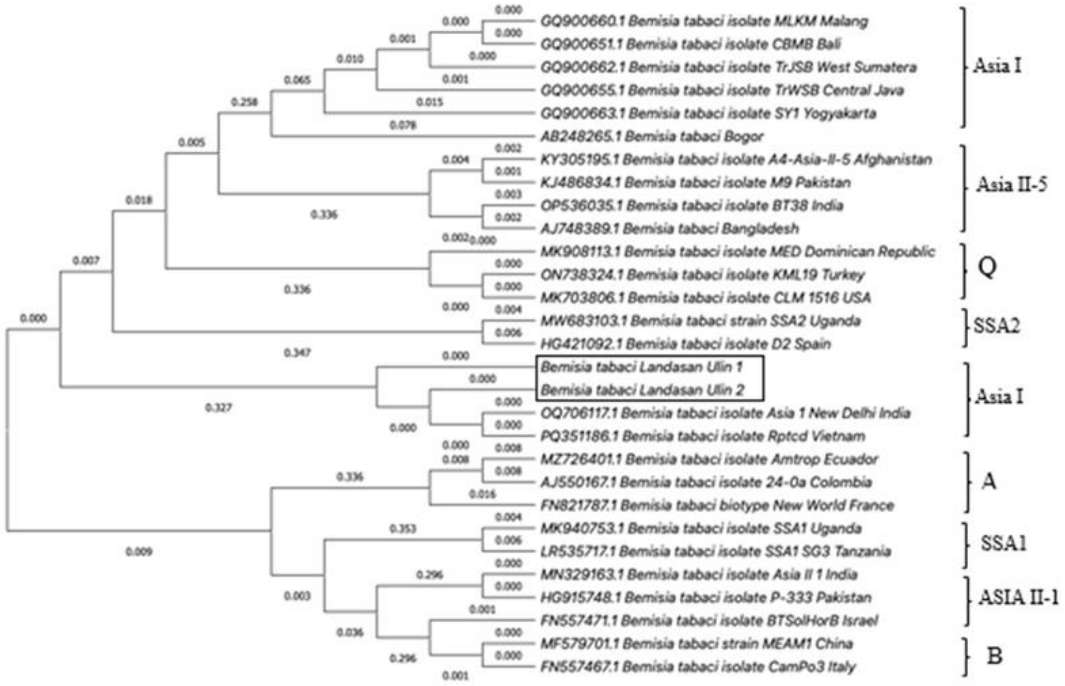
Sampel	BLASTn			Asal Isolat	Kode Aksesi
	Biotipe	Similaritas (%)	Gene		
Landasan Ulin 1 & 2	Asia I	100	COX1	India	OQ706117.1
		100	COX1	Vietnam	PQ351186.1
		28	COX1	Bogor	AB248265.1
		28	COX1	Yogyakarta	GQ900663.1
		28	COX1	West Sumatera	GQ900662.1
		28	COX1	Malang	GQ900660.1
		28	COX1	Central Java	GQ900655.1
		28	COX1	Bali	GQ900651.1
	Asia II-1	31	COX1	India	MN329163.1
		31	COX1	Pakistan	HG915748.1

Asia II-5	30	COX1	Afghanistan	KY305195.1
	30	COX1	Pakistan	KJ486834.1
	30	COX1	India	OP536035.1
	30	COX1	Bangladesh	AJ748389.1
MEAM1 (B)	33	COX1	China	MF579701.1
	33	COX1	Italy	FN557467.1
	33	COX1	Israel	FN557471.1
MED (Q)	33	COX1	Dominican Republic	MK908113.1
	33	COX1	Turkey	ON738324.1
	33	COX1	USA	MK703806.1_
SSA1	30	COX1	Uganda	MK940753.1
	30	COX1	Tanzania	LR535717.1
SSA2	31	COX1	Uganda	MW683103.1
	31	COX1	Spain	HG421092.1
New World (A)	32	COX1	France	FN821787.1
	31	COX1	Ecuador	MZ726401.1
	31	COX1	Colombia	AJ550167.1

Analisis Filogenetik

Analisis filogenetik dilakukan untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara sampel dengan berbagai biotipe Bemisia tabaci di dunia. Dalam penelitian ini, pohon filogenetik disusun menggunakan perangkat lunak MEGA XI dengan metode Neighbor-Joining dan nilai bootstrap sebanyak 1000 kali.

Berdasarkan hasil analisis filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining Tree dengan 1000 kali bootstrap pada software MEGA XI (Gambar 7.), sampel B. tabaci asal Landasan Ulin 1 dan 2 dikelompokkan ke dalam klade yang sama dengan isolat biotipe Asia I. Kedua sampel ini menunjukkan kekerabatan paling dekat dengan isolat B. tabaci dari New Delhi, India (kode akses OQ706117.1) dan Vietnam (PQ351186.1). Populasi B. tabaci dari Landasan Ulin berasal dari atau sangat dekat secara genetik dengan biotipe Asia I. Sedangkan, isolat dari wilayah lain di Indonesia seperti Malang, Bali, Sumatera Barat, Jawa Tengah, dan Yogyakarta tergabung dalam klaster berbeda, meskipun juga termasuk dalam kelompok Asia I, tetapi menunjukkan jarak genetik yang lebih besar. Klade lain dalam pohon filogenetik menunjukkan biotipe berbeda seperti Asia II-1, Asia II-5, Q (MED), SSA1, SSA2, A, dan B, yang semuanya terpisah jauh dari klade Asia I. Hal ini menunjukan bahwa sampel dari Landasan Ulin secara genetik lebih dekat dengan populasi Asia I dari India dan Vietnam, serta berbeda secara signifikan dari biotipe lainnya yang tersebar di berbagai belahan dunia.



Gambar 3. Pohon Filogenetik Sampel kutu kebul Landasan Ulin dengan database NCBI, menggunakan Software Mega XI dengan metode Neighbor - Joining Tree dengan nilai bootstrap 1000 X.

Hasil ini juga sesuai dengan temuan sebelumnya oleh Misaka et al. (2020), yang menyatakan bahwa kelompok Asia I merupakan biotipe dominan di wilayah Asia dan secara genetis berbeda dari biotipe invasif seperti MEAM1 dan MED yang berasal dari Timur Tengah dan Mediterania.

Persentase Homologi

Berdasarkan hasil analisis homologi menggunakan Pairwise Distance (P-distance) pada software MEGA XI (Tabel 4.), sampel Bemisia tabaci asal Landasan Ulin 1 dan 2 menunjukkan tingkat homologi sebesar 100% satu sama lain. Kedua sampel tersebut juga memiliki kemiripan genetik yang sangat tinggi (100%) dengan isolat B. tabaci biotipe Asia I yang berasal dari New Delhi, India (kode akses OQ706117.1) dan Vietnam (PQ351186.1). Sedangkan, jika dibandingkan dengan isolat dari berbagai wilayah di Indonesia seperti Bogor, Yogyakarta, Sumatera Barat, Malang, Jawa Tengah, dan Bali, tingkat homologi hanya sebesar 28%, meskipun semuanya termasuk dalam kelompok Asia I, hal ini menunjukkan adanya variasi genetik lokal yang cukup besar. Dibandingkan dengan biotipe lain seperti Asia II-1 dan Asia II-5, persentase homologi sedikit lebih tinggi, berkisar antara 30%–33%, namun tetap menunjukkan jarak genetik yang signifikan. Homologi terhadap biotipe MEAM1 (B), MED (Q), SSA1, SSA2, dan New World (A) juga berada pada kisaran serupa (30%–33%), hal ini menunjukan bahwa sampel dari Landasan Ulin secara genetik tidak dekat dengan kelompok-kelompok tersebut. Oleh karena itu, data ini menjadi acuan bahwa sampel B. tabaci dari Landasan Ulin termasuk dalam biotipe Asia I dan memiliki hubungan genetik paling dekat dengan isolat dari India dan Vietnam.

Kesimpulan

Berdasarkan hasil Identifikasi molekuler melalui teknik PCR dan sekuensing gen CO1 terhadap kutu kebul yang menyerang tanaman cabai rawit di Kecamatan Landasan Ulin, Kalimantan Selatan. Hasil elektroforesis menunjukkan amplifikasi gen CO1 sekitar 700 bp, menandakan bahwa metode PCR yang digunakan efektif dan spesifik. Lalu hasil analisis BLAST dan filogenetik, sampel kutu kebul dari Landasan Ulin memiliki tingkat similaritas dan homologi 100%

dengan B. tabaci biotipe Asia I asal India (OQ706117.1) dan Vietnam (PQ351186.1), yang berarti populasi kutu kebul di lokasi penelitian tergolong dalam biotipe Asia I. Namun sampel dari Landasan Ulin menunjukkan perbedaan genetik signifikan (hanya 28% similarity) dengan biotipe Asia I dari wilayah Indonesia lainnya seperti Malang, Bali, Sumatera Barat, dan Yogyakarta. Ini menandakan adanya variasi genetik lokal yang cukup besar dalam populasi kutu kebul meskipun termasuk dalam biotipe yang sama.

Daftar Pustaka

Brown, Alif, S. M. 2017. Kiat Sukses Budidaya Cabai Rawit. Bio Genesis. Yogyakarta.

Amalia, I. S., Natawigena, W. D., Sianipar, M. S., & Bari, I. N. 2023. Identifikasi Kutukebul dan Pembuatan Kunci Identifikasi Dalam Bentuk Portable Document Format. In Gunung Djati Conference Series, 18: 65-78.

Badan Pusat Statistik Provinsi Kalimantan Selatan. 2025. Provinsi Kalimantan Selatan Dalam Angka 2025. BPS Provinsi Kalimantan Selatan.

Bellotti AC, & Arias B. 2001. Host Plant Resistance to Whiteflies, with Emphasis on Cassava as a Case Study. Crop Protection, 20: 813–823. doi: https:// doi.org/10.1016/S0261-2194(01)00113-2.

Bestari, E. 2023. Pengaruh Tanaman Refugia (Zinnia elegans Jacq.) terhadap Intensitas Serangan Hama Kutu Kebul (Bemisia tabaci Genn.) pada Tanaman Terung (Solanum melongena L.) di Kebun Botani Desa Solok Kabupaten Muaro Jambi sebagai Materi Ajar Praktikum Entomologi (Doctoral dissertation, Universitas Jambi).

Cahyono, B. 2003. Cabai Rawit. Kanisius. Yogyakarta. 74 hal.

Fitri, A. F. N. 2024. Identifikasi Hama Wereng Jagung (Hemiptera) secara Konvensional dan Molekuler Doctoral dissertation. UPN Veteran Jawa Timur.

Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. Molecular Marine Biology and Biotechnology, 3(5): 294–299.

Frohlich, D. R., Torres-Jerez, I., Bedford, I. D., Markham, P. G., & Brown, J. K. 1999. A phylogeographical analysis of the Bemisia tabaci species complex based on mitochondrial DNA markers. Molecular ecology, 8(10): 1683-1691.

Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 270(1512): 313-321.

Hidayat, P., Satriami, D., & Hendrastuti, S. 2004. Kajian ciri morfologi dan molekuler kutu kebul (homoptera aleyrodidae) sebagai dasar pengendalian penyakit geminivirus pada tanaman sayuran. IPB. Bogor.

Indriati, G., & Hidayat, P. 2023. Perkembangan teknologi identifikasi serangga dari zaman ke zaman. Jurnal Agrisa, 12(2): 86-98.

Misaka, B. C., Wosula, E. N., Marchelo-d'Ragga, P. W., Hvoslef-Eide, T., & Legg, J. P. 2020. Genetic diversity of Bemisia tabaci (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) colonizing sweet potato and cassava in South Sudan. Insects, 11(1): 58.

Pramudi, M. I., Puspitarini, R. D., & Rahardjo, B. T. 2013. Keanekaragaman dan kekerabatan lalat buah (Diptera: Tephritidae) di Kalimantan Selatan berdasarkan karakter morfologi dan molekular (RAPD-PCR dan

sekuensing DNA). Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan Tropika, 13(2): 192-202.

Purnomo & Sudiono. 2009. Populasi Kutu Kebul (Bemisia tabaci Genn.) pada Berbagai Pola Tanam Cabai (Capsicum annum L.). Jurnal Penelitian Pertanian Penerapan, 9(2): 86–89.

Sudiono, S. & N. Yasin. 2006. Karakterisasi Kutu Kebul (Bemisia tabaci) sebagai Vektor Virus Gemini dengan Teknik PCR-RAPD. J. HPT Tropika, 6(2): 113-119.

Sihombing, S. M. 2024. Analisis Dekstruktif Ekstrak Kulit Buah Aren (Arenga Pinnata) Terhadap Kutu Kebul (Bemisia tabaci) Secara In-Vitro (Doctoral dissertation, Universitas Medan Area).

Suprayogi, S., Farid, N., Dewi, P. S., Nugroho, S., & Biotech, M. 2021. Teknik-Teknik Dasar Bioteknologi. Universitas Jendral Sudirman.

Van de Ven WT, LeVesque CS, Perring TM, & Walling LL. 2000. Local and systemic changes in squash gene expression in response to silverleaf whitefly feeding. The Plant Cell, 12: 1409–1423. doi: https://doi.org/10.1105/tpc.12.8.1409.

Yuliani, S. P. 2008. Kutu Kebul (Homoptera: Aleyrodidae) pada Tanaman Cabai, Tomat dan Kedelai di Bogor, Cianjur dan Sukabumi. Journal Of Agroscience, 1: 1.