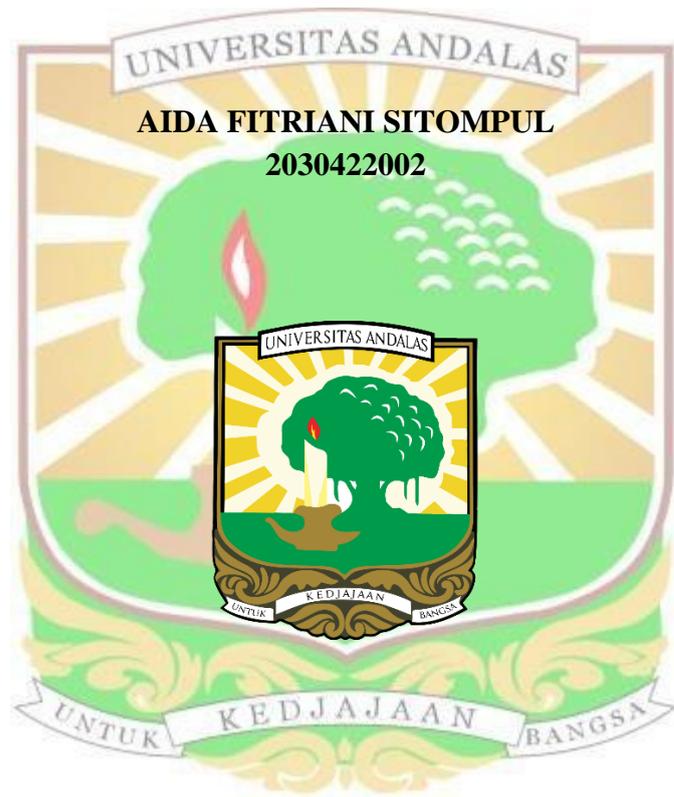


**VARIASI MORFOLOGI DAN GENETIK SERANGGA HAMA PENGGEREK BUAH  
(*Hypothenemus hampei* Ferrarri) TANAMAN KOPI (*Coffea* sp.) DI SUMATRA**

**DISERTASI**



**Prof. Dr. Dewi Imelda Roesma, M.Si**

**PROGRAM STUDI DOKTOR BIOLOGI  
DEPARTEMEN BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS ANDALAS  
PADANG**

**2024**

i

v

## RINGKASAN

Judul Penelitian ini adalah “**Variasi Morfologi Dan Genetik Serangga Hama Penggerek Buah (*Hypothenemus hampei* Ferrarri) Tanaman Kopi (*Coffea* sp.) Di Sumatra**”. Penelitian ini disusun oleh Aida Fitriani Sitompul, dan dibimbing oleh Prof. Dr. Dewi Imelda Roesma, M.Si dan Prof. Dr. Dahelmi, M.S.

*Hypothenemus hampei* (Ferrari), yang dikenal sebagai *Coffee Berry Borer* (CBB) dan Penggerek Buah Kopi (PBKO), merupakan serangga hama utama pada tanaman kopi di seluruh negara produsen kopi dunia, termasuk Indonesia. Serangga ini menyebabkan kerusakan pada buah kopi sehingga mengakibatkan kerugian baik secara kuantitas maupun kualitas produksi kopi, serta menurunkan produktivitas. Data dan informasi terkait morfologi dan genetik *H. hampei* saat ini masih terbatas hanya pada beberapa lokasi penghasil kopi di dunia. Indonesia khususnya di Sumatra informasi variasi morfologi dan genetik *H. hampei* pada tanaman kopi di Sumatra belum ada dilaporkan. Oleh karena itu, informasi ini penting untuk dikaji dalam upaya pengembangan strategi pengendalian hama terpadu (PHT) yang memanfaatkan pengetahuan tentang biologi, termasuk ilmu taksonomi. Penelitian ini dilakukan di Sumatra yang diwakili populasi Aceh, Jambi dan Bengkulu pada tiga jenis kopi arabika (*Coffea arabica*), robusta (*Coffea canephora*) dan liberika (*Coffea liberica*). Penelitian ini terdiri dari dua tahap yaitu pertama mengkaji variasi morfologi *H. Hampei* pada tanaman kopi di Sumatra. Tahap dua mengkaji variasi genetik *H. hampei* berdasarkan gen COI DNA mitokondria dan DNA mikrosatelit.

Hasil penelitian tahap pertama, variasi morfologi *H. hampei* di Sumatra dilakukan secara morfometri terdapat lima karakter morfologi total panjang tubuh (TL), panjang pronotum (PL), lebar pronotum (PW), panjang elytra (EL), dan panjang kaki (KL) yang berdiferensiasi secara signifikan pada kopi arabika tetapi tidak pada kopi robusta dan liberika. Hasil pengamatan deskripsi morfologi *H. hampei* pada tanaman kopi di Sumatra, berdasarkan 16 karakter morfologi, terdapat tujuh variasi morfologi pada kepala, pronotum, mandibula, jumlah sutura, segmen antena, jumlah dentikel pada kaki depan (*procoxae*) dan kaki depan (*metacoxae*), dan warna elytra. Hasil penelitian menunjukkan serangga ini dapat menyerang semua jenis kopi di Sumatra karena dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti ketinggian, suhu, dan kelembaban, serta faktor inang seperti fenologi pembungaan dan pembuahan. Intensitas serangan *H. hampei* tertinggi (52,67%) dengan kategori serangan berat terdapat pada kopi robusta di Bengkulu, Rejang Lebong, Air Pikat (765 mdpl), terendah (10,67%) dengan kategori serangan ringan pada kopi arabika di Aceh, Bener Meriah, Alur Cicin (1303 mdpl). Kesimpulan penelitian tahap satu, terdapat variasi morfologi *H. hampei* pada kopi arabika tapi tidak pada kopi robusta dan kopi liberika di Sumatra. *H. hampei* merusak ketiga jenis kopi dengan intensitas serangan kategori berat pada kopi robusta dan ringan pada kopi arabika.

Hasil penelitian tahap dua, variasi genetik *H. hampei* berdasarkan gen COI DNA mitokondria menghasilkan karakter *barcode* DNA 27 individu dengan panjang sekuen 439 bp. Memiliki 14 variasi basa nukleotida yang terdiri dari tujuh basa mutasi transisi (urutan ke-9, 169, 196, 296, 415, 419, dan 423), dan 8 basa mutasi transversasi (urutan ke-120, 165, 169, 295, 353, 422, 428 dan 431). Variasi basa tersebut tidak bersifat spesifik, sehingga diasumsikan variasi ini terjadi secara acak atau random. Variasi asam amino pada 27 individu memiliki delapan variasi yang terletak pada urutan 57, 66, 118, 139, 140, 141, 143, dan 145. Variasi asam amino *H. hampei* di Sumatra diasumsikan bahwa variasi terjadi karena mutasi di dalam populasi secara acak atau random.

*Haplotype network H. hampei* di Sumatra terdiri dari 10 haplotipe. Nilai *Haplotype diversity (Hd)* 0.6496 dengan kategori sedang. *Nucleotide diversity (Pi)* 0.00430 dengan kategori rendah. Hasil penelitian analisis *haplotype network* menunjukkan telah terjadi *sharing haplotype* hal ini karena *H. hampei* di Sumatra berasal dari nenek moyang yang sama (*monofiletik*). Filogenetik 27 individu *H. hampei* asal Sumatra berada di percabangan yang sama dan memiliki jarak genetik 0-0,28%. Nilai ini menunjukkan bahwa variasi genetik rendah dan menegaskan bahwa seluruh sampel yang digunakan merupakan spesies yang sama berasal dari nenek moyang yang sama. Jarak genetik yang rendah juga menggambarkan kedekatan antar taksa maupun antar populasi *H. hampei* di Sumatra.

Struktur populasi *H. hampei* berdasarkan DNA mikrosatelit pada tiga populasi di Aceh (Bener Meriah, Aceh Tengah dan Pidie) menunjukkan bahwa variasi genetik tertinggi pada populasi Bener Meriah (PLP: 100 %, He: 0,7810 dan I: 1,3373), dan terendah (PLP: 100 %, He: 0,7111 dan I: 1,1548) di Pidie. Variasi genetik *H. hampei* di Aceh tergolong tinggi karena nilai rata-rata He untuk keseluruhan populasi 0,7767. Diferensiasi genetik *H. hampei* antar populasi di Aceh menunjukkan perbedaan genetik yang sedang ( $F_{st} = 0,1019$ ). Nilai  $F_{ST}$  ini mengindikasikan bahwa variasi genetik antar populasi rendah (10 %), dan didalam populasi lebih tinggi (90%). Nilai Fis 0,3362 dan Fit: 0,4038. Nilai Fis dan Fit yang diperoleh dalam penelitian ini adalah positif. Hal ini diasumsikan bahwa jumlah populasi *H. hampei* tergolong besar di Aceh, sehingga perkawinan secara acak dapat berlangsung dan menyebabkan perkawinan antar kerabat dekat masih jarang terjadi. Kesimpulan penelitian tahap dua menunjukkan variasi genetik *H. hampei* berdasarkan gen COI DNA mitokondria pada tanaman kopi di Sumatra tergolong rendah. Struktur populasi *H. hampei* berdasarkan DNA mikrosatelit pada populasi Aceh menunjukkan diferensiasi genetik intra populasi lebih tinggi daripada inter populasi.

Kebaruan dari penelitian ini menghasilkan informasi variasi morfologi *H. hampei* pada tanaman kopi di Sumatra; intensitas serangan *H. hampei* pada tanaman kopi di Sumatra; profil variasi genetik *H. hampei* pada tanaman kopi di Sumatra; DNA barcode *H. hampei* pada tanaman kopi asal Sumatra dan informasi struktur populasi *H. hampei* di Aceh. Hasil penelitian ini merekomendasikan rancangan metode pengendalian *H. hampei* dengan beberapa pendekatan sebagai berikut: (1) pemilihan lokasi yang tepat untuk perkebunan kopi karena faktor ketinggian tempat menentukan intensitas serangan *H. hampei* dan kerusakan biji kopi; (2) penanganan biji kopi tua (hitam) yang menjadi tempat bersarang bagi *H. hampei* setelah musim panen berakhir dengan cara memusnahkan biji kopi (hitam) tersebut; (3) melakukan *replanting* perkebunan kopi di Sumatra sebagai upaya penurunan jumlah populasi *H. hampei*.

Kata kunci: DNA Mikrosatelit, Gen COI Mitokondria, Morfometri, PBKO, Strategi PHT